

ADDENDUM TO AG

Human nucleic acid sequences and protein products from normal breast tissue, useful for breast cancer therapy

Patent Number: DE19813835

Publication date: 1999-09-23

Inventor(s): SCHMITT ARMIN (DE); SPECHT THOMAS (DE); DAHL EDGAR (DE); HINZMANN BERND (DE); ROSENTHAL ANDRE (DE); PILARSKY CHRISTIAN (DE)

Applicant(s): METAGEN GES FUER GENOMFORSCHUN (DE)

Requested Patent: WO9947655

Application Number: DE19981013835 19980320

Priority Number (s): DE19981013835 19980320

IPC Classification: C07K14/435; C12N15/11; C07H21/04; C12N15/63; C12N1/21; C12N1/19; C12N5/10; C07K16/18; A61K38/17; G01N33/68

EC Classification:

Equivalents: EP1070125 (WO9947655), A3, JP2002506639T

Abstract

Human nucleic acid sequences from normal breast tissue are new. A nucleic acid sequence that encodes (part of) a gene product comprises: (a) a nucleic acid sequence (I), chosen from a group of 43 sequences (given in the specification); (b) an allelic variant (II) of (I); or (c) a nucleic acid sequence (III), that is complementary to (I) or (II). Independent claims are also included for: (1) a nucleic acid sequence (76 sequences given in the specification), characterized in that it has increased expression in normal breast tissue; (2) BAC, PAC and cosmid clones, containing functional genes and their chromosomal localization, corresponding to one of 76 sequences for use as vehicles for gene transfer; (3) a nucleic acid sequence comprising part of a sequence as above which is sufficiently large to hybridize to a sequence as above; (4) an expression cassette comprising a nucleic acid fragment or a sequence as above, together with at least a control or regulatory sequence; (5) a DNA fragment, comprising a gene, that is produced as a result of using a nucleic acid sequence as above; (6) a host cell containing genetic information for expression of a heterologous nucleic acid sequence as above; (7) a process to manufacture a polypeptide or fragments, characterized in that the host cell above is cultivated; (8) an antibody against a polypeptide, which is encoded by a nucleic acid as above; (9) a polypeptide partial sequence having one of 122 sequences (given in the specification); (10) a genomic gene, its promoter, enhancer, silencer, exon and intron structure and splice variants, generated from cDNA having one of the 76 sequences; and (11) 1318, 3283 and 538 bp nucleic acid sequences characterized in that they are associated with fat metabolism and can be used to treat illnesses associated with an altered fat metabolism.

Data supplied from the esp@cenet database - I2

PCTWELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales BüroINTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICH NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)**AG**

(51) Internationale Patentklassifikation ⁶ :	A2	(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/47655
C12N 15/00		(43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 23. September 1999 (23.09.99)

(21) Internationales Aktenzeichen:	PCT/DE99/00909	(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).
(22) Internationales Anmeldedatum:	19. März 1999 (19.03.99)	
(30) Prioritätsdaten:		Veröffentlicht
198 13 835.0	20. März 1998 (20.03.98)	Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.
(71) Anmelder (<i>für alle Bestimmungsstaaten ausser US</i>): META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).		
(72) Erfinder; und		
(75) Erfinder/Anmelder (<i>nur für US</i>): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/I, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).		

(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM NORMAL BREAST TISSUE

(54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS BRUSTNORMALGEWEBE

(57) Abstract

The invention relates to human nucleic acid sequences, mRNA, cDNA, genomic sequences from breast tissue, coding for genetic products or parts thereof and to the use thereof. The invention also relates to polypeptides which can be obtained from said sequences and to the use thereof.

(57) Zusammenfassung

Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Brustgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauretanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brustnormalgewebe

- 5 Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brustgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.
- Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.
- 10 Eine der Haupttodesursachen bei Frauen ist der Brustkrebs, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.
- 15 Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine
- 20 Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die
- 25 experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengenen, d.h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie representieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -prolifertion wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

40 Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig. 3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehend vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden

45

50

Softwarereprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

- 5 Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1 bis Seq. ID No.76 und Seq. ID No.161 bis Seq. ID 178 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Brusttumor eine Rolle spielen.
- 10 Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos.1-5, 10-12, 14, 15, 19, 21-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50, 51, 58-65, 68, 69, 71, 72, 74, 76 und 161-178.
- 15 Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend
- 20 a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos.1-5, 10-12, 14, 15, 19, 21-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50, 51, 58-65, 68, 69, 71, 72, 74, 76 und 161-178.
- 25 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
oder
- 30 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
- 35 Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID Nos.1-5, 10-12, 14, 15, 19, 21-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50, 51, 58-65, 68, 69, 71, 72, 74, 76 und 161-178 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.
- 40 Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No.161 bis Seq. ID 178, die im Brustnormalgewebe erhöht exprimiert sind bzw. in Brusttumorgewebe vermindert exprimiert sind.
- 45 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos.1-5, 10-12, 14, 15, 19, 21-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50, 51, 58-65, 68, 69, 71, 72, 74, 76 und 161-178 hybridisieren.
- 50 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

- Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 1-5, 10-12, 14, 15, 19, 21-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50, 51, 58-65, 68, 69, 71, 72, 74, 76 und 161-178 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert
- 5 werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.
- 10 In der Literatur sind eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.
- Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z.
- 15 B., phagescript, pBs, φX174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).
- 20 Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda PR, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.
- 25 Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 30 Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.
- Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.
- 35 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhaltenen Gen-Fragmente.
- 40 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.
- 45 Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.
- Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.
- 50 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

- Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren.
- 5 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.
- Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID Nos 77-85, 10 87, 88, 90, 91, 93, 95-108, 112-117, 119, 122, 124-126, 132, 133, 135, 137-160 und 179-209.
- 15 Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID Nos 77-85, 87, 88, 90, 91, 93, 95-108, 112-117, 119, 122, 124-126, 132, 133, 135, 137-160 und 179-209.
- 20 Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID 178 kodiert werden.
- Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.
- 25 Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID Nos 77-85, 87, 88, 90, 91, 93, 95-108, 112-117, 119, 122, 124-126, 132, 133, 135, 137-160 und 179-209 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.
- 30 Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden können.
- 35 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 und Seq. ID No. 179 bis Seq. ID No. 209 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Brustkrebses, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Brustkrebses.
- 40 Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 und Seq. ID No. 179 bis Seq. ID No. 209 enthalten.
- 45 Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.
- Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten

- 5 BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).
- 10
- 15

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 179, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

	Nukleinsäuren=	Unter Nukleinsäuren sind in der voliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollängen cDNA und genomicsche Gene (Chromosomen).
5	ORF =	Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
	Contig=	Eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus).
10	Singleton=	Ein Contig, der nur eine Sequenz enthält.
	Modul =	Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt
15	N =	wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C
	X =	wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren
20		

Erklärung zu den Alignmentparametern

25	minimal initial match=	minimaler anfänglicher Identitätsbereich
	maximum pads per read=	maximale Anzahl von Insertionen
	maximum percent mismatch=	maximale Abweichung in %

30

Erklärung der Abbildungen

	Fig. 1	zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
35	Fig. 2a	zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
	Fig. 2b1-2b4	zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
40	Fig. 3	zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
	Fig. 4a	zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
45	Fig. 4b	zeigt den elektronischen Northern
	Fig. 5	zeigt die Isolierung von genomschen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen

- 10 Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert.
- 15 20 25 30 35 40 45 50
- Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.
- Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Brustgewebe ESTs.
- Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.) Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt. Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

Beispiel 2**Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster**

5

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

10

2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B.

15 BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) Proc. Natl. Acad. Sci. USA **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in
20 verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

25

2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 39 gefunden, die 21x stärker im normalen Brustgewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft humanes alpha-B-Crystallin.

Das Ergebnis ist wie folgt:

10 Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
15	Blase 0.0139	0.0102	1.3639 0.7332
	Brust 0.0919	0.0044	21.09950.0474
	Eierstock 0.0091	0.0104	0.8765 1.1409
20	Endokrines_Gewebe 0.0146	0.0027	5.3582 0.1866
	Gastrointestinal 0.0213	0.0048	4.4784 0.2233
	Gehirn 0.1941	0.1358	1.4296 0.6995
	Haematopoetisch 0.0056	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0995	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0050	0.0000	undef 0.0000
25	Herz 0.2405	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0324	0.0142	2.2824 0.4381
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0230	0.4200 2.3811
	Muskel-Skelett 0.1456	0.0180	8.0893 0.1236
30	Niere 0.0327	0.1643	0.1990 5.0254
	Pankreas 0.0038	0.0055	0.6857 1.4584
	Penis 0.0539	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0238	0.0149	1.5980 0.6258
	Uterus 0.0363	0.0356	1.0212 0.9793
35	Brust-Hyperplasie 0.0291		
	Duenndarm 0.0156		
	Prostata-Hyperplasie 0.0119		
	Samenblase 0.0178		
	Sinnesorgane 0.0000		
40	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
45	Gastrointestinal 0.0031		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0079		
	Herz-Blutgefaesse 0.1063		
	Lunge 0.0074		
50	Niere 0.0062		
	Prostata 0.0249		
	Sinnesorgane 0.0419		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
55	%Haeufigkeit		
	Brust 0.2925		
	Eierstock-Uterus 0.0183		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0379		
60	Gastrointestinal 0.0244		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0874		
	Hoden 0.0234		
	Lunge 0.0082		
65	Nerven 0.0462		
	Prostata 0.0321		
	Sinnesorgane 0.0542		

2.1.2

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 41 gefunden, die 15x stärker im normalen Brustgewebe als im Tumorgewebe
5 vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft humanes extrazelluläres Protein S1-5.

- 10 Das Ergebnis ist wie folgt:
Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
15	Blase	0.0186	0.0026	7.2739 0.1375
	Brust	0.0666	0.0044	15.28950.0654
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe	0.0347	0.0436	0.7954 1.2573
20	Gastrointestinal	0.0078	0.0095	0.8143 1.2281
	Gehirn	0.0288	0.0077	3.7599 0.2660
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0497	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
25	Herz	0.0498	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0125	0.0095	1.3168 0.7594
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0420	0.2039 4.9036
30	Niere	0.0178	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef undef
35	Brust-Hyperplasie	0.0799		
	Duenndarm	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0089		
	Sinnesorgane	0.0000		
40	Weisse_Blutkoerperchen	0.0070		
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000		
45	Gastrointestinal	0.0031		
	Gehirn	0.0313		
	Haematopoetisch	0.0039		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0074		
50	Niere	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0272		
	Eierstock-Uterus	0.0068		
	Endokrines_Gewebe	0.0245		
	Foetal	0.0099		
60	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0156		
	Lunge	0.0000		
65	Nerven	0.0120		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		

2.1.3

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 42 gefunden, die 12x stärker im normalen Brustgewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft sezerniertes „frizzled-related protein“.

Das Ergebnis ist wie folgt:

10 Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
15	Blase 0.0511	0.0026	20.00330.0500
	Brust 0.0533	0.0044	12.23160.0818
	Eierstock 0.0030	0.0078	0.3895 2.5671
	Endokrines_Gewebe 0.0128	0.0027	4.6885 0.2133
	Gastrointestinal 0.0039	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0059	0.0099	0.6021 1.6609
20	Haematopoetisch 0.0014	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0348	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0149	0.0065	2.2954 0.4356
	Herz 0.0085	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0061	0.0117	0.5224 1.9144
25	Lunge 0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett 0.0120	0.0240	0.4996 2.0015
	Niere 0.0535	0.0000	undef 0.0000
30	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0090	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0048	0.0085	0.5593 1.7879
	Uterus 0.0231	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.1126		
	Duenndarm 0.0156		
35	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0178		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
40	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0615		
	Gastrointenstinal 0.0031		
	Gehirn 0.0000		
45	Haematopoetisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0573		
	Lunge 0.0037		
	Niere 0.0000		
50	Prostata 0.0249		
	Sinnesorgane 0.0279		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
55	Brust 0.0340		
	Eierstock-Uterus 0.0205		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0117		
	Gastrointestinal 0.0000		
60	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0194		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0161		
65	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northerns gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

5

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
	Blase 0.0139	0.0179	0.7793 1.2831
	Brust 0.0160	0.0022	7.3390 0.1363
10	Eierstock 0.0030	0.0052	0.5843 1.7114
	Endokrines_Gewebe 0.0036	0.0109	0.3349 2.9861
	Gastricintestinal 0.0039	0.0238	0.1629 6.1405
	Gehirn 0.0102	0.0088	1.1612 0.8612
15	Haematopoetisch 0.0070	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz 0.0011	0.0137	0.0771 12.9744
	Hoden 0.0122	0.0117	1.0447 0.9572
	Lunge 0.0037	0.0071	0.5267 1.8986
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0103	0.0120	0.8565 1.1675
	Niere 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0110	0.0000 undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
25	Prostata 0.0048	0.0128	0.3729 2.6818
	Uterus 0.0066	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0109		
	Duenndarm 0.0000		
30	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0061		

35

	FOETUS %Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0154
	Gehirn 0.0313
40	Haematopoetisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0041
	Lunge 0.0000
	Niere 0.0371
45	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

50

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0068
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0012
55	Gastrointestinal 0.0244
	Haematopoetisch 0.0114
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0078
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0020
60	Prostata 0.0128
	Sinnesorgane 0.0000

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Brust 0.0080	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0052	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0036	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000	0.0143	0.0000 undef
	Gehirn 0.0093	0.0044	2.1288 0.4698
	Haematopoetisch 0.0014	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0099	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz 0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge 0.0037	0.0024	1.5801 0.6329
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0030	0.0068	0.4342 2.3033
	Pankreas 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0071	0.0064	1.1186 0.8939
	Uterus 0.0050	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0036		
	Duenndarm 0.0093		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0044		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0031
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0079
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0037
	Niere 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0140

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust 0.0000
50	Eierstock-Uterus 0.0205
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0052
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
55	Haut-Muskel 0.0065
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0050
	Prostata 0.0000
60	Sinnesorgane 0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5				
	Blase 0.0046	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.1066	0.0065	16.308	0.0613
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch 0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0448	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehe 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Brust-Hyperplasie 0.0400			
	Duenndarm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointenstinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0136			
50	Eierstock-Uterus 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0023			
	Gastrointestinal 0.0122			
	Haematopoetisch 0.0000			
55	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0133	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0054	0.3349	2.9861
	Gastrointestinal 0.0078	0.0048	1.6285	0.6141
	Gehirn 0.0034	0.0022	1.5482	0.6459
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0099	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0025	0.0024	1.0534	0.9493
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere 0.0089	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0024	0.0021	1.1186	0.8939
	Uterus 0.0033	0.0214	0.1547	6.4632
25	Brust-Hyperplasie 0.0073			
	Duenndarm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
	Samenblase 0.0089			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung 0.0154			
	Gastrointenstinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Herz-Blutgefaesse 0.0000			
40	Lunge 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
50	Eierstock-Uterus 0.0160			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0017			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
55	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0020			
	Prostata 0.0064			
60	Sinnesorgane 0.0155			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haefigkei	%Haefigkei	N/T T/N
5	Blase	0.0790	0.0435	1.8185 0.5499
	Brust	0.0187	0.0022	9.5621 0.1168
	Eierstock	0.0120	0.0000	undef 0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000 undef
	Gastrointestinal	0.0329	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0085	0.0033	2.5804 0.3875
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0217	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447 0.9572
	Lunge	0.0025	0.0071	0.3511 2.8478
	Magen-Speiseroehre	0.1159	0.0383	3.0238 0.3307
20	Muskel-Skelett	0.0240	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pancreas	0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0898	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0262	0.0192	1.3672 0.7314
	Uterus	0.0099	0.0427	0.2321 4.3088
25	Brust-Hyperplasie	0.0291		
	Duenndarm	0.0530		
	Prostata-Hyperplasie	0.0178		
	Samenblase	0.0445		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
		FOETUS		
		%Haefigkeit		
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0092		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
40	Herz-Blutgefaesse	0.0041		
	Lunge	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
		%Haefigkeit		
	Brust	0.0000		
50	Eierstock-Uterus	0.0160		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0017		
	Gastrointestinal	0.0122		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0020		
	Prostata	0.0064		
55	Sinnesorgane	0.0000		
60				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N		
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Brust	0.0107	0.0000	undef	0.0000	
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef	
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000	
	Gehirn	0.0025	0.0000	undef	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000	
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000	
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000	
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
25	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Brust-Hyperplasie	0.0000				
	Duenndarm	0.0000				
	Prostata-Hyperplasie	0.0000				
	Samenblase	0.0000				
30	Sinnesorgane	0.0000				
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
	FOETUS					
	%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0000				
	Gastrointenstinal	0.0000				
	Gehirn	0.0000				
	Haematopoetisch	0.0000				
40	Herz-Blutgefaesse	0.0000				
	Lunge	0.0000				
	Niere	0.0000				
	Prostata	0.0000				
	Sinnesorgane	0.0000				
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit					
	Brust	0.0476				
50	Eierstock-Uterus	0.0000				
	Endokrines_Gewebe	0.0245				
	Foetal	0.0012				
	Gastrointestinal	0.0000				
	Haematopoetisch	0.0057				
55	Haut-Muskel	0.0065				
	Hoden	0.0000				
	Lunge	0.0000				
	Nerven	0.0080				
	Prostata	0.0000				
	Sinnesorgane	0.0000				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe 0.0073	0.0054	1.3396	0.7465
	Gastrointestinal 0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Gehirn 0.0144	0.0110	1.3160	0.7599
	Haematopoetisch 0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz 0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge 0.0025	0.0095	0.2634	3.7971
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0060	0.5710	1.7513
	Niere 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0048	0.0149	0.3196	3.1288
25	Uterus 0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Duenndarm 0.0093			
	Prostata-Hyperplasie 0.0149			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointenstinal 0.0123			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Niere 0.0124			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
50	Eierstock-Uterus 0.0091			
	Endokrines_Gewebe 0.0245			
	Foetal 0.0029			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0114			
55	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0080			
	Prostata 0.0128			
60	Sinnesorgane 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Vernaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0093	0.0022	4.2811 0.2336
	Eierstock 0.0000	0.0104	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
10	Gehirn 0.0000	0.0000	undef unaef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0011	0.0000	unaef 0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0037	0.0024	1.5801 0.6329
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0030	0.0000	undef 0.0000
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0024	0.0000	undef 0.0000
	Uterus 0.0017	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0073		
	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0039		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
40	Lunge 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0023		
50	Endokrines_Gewebe 0.0245		
	Foetal 0.0035		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0032		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0030		
55	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0232		
60			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0093	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0080	0.0022	3.6695	0.2725
	Eierstock 0.0091	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe 0.0128	0.0054	2.3442	0.4266
	Gastrointestinal 0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Gehirn 0.0042	0.0022	1.9353	0.5167
	Haematopoetisch 0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0012	0.0024	0.5267	1.8986
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett 0.0051	0.0060	0.8565	1.1675
	Niere 0.0030	0.0137	0.2171	4.6066
	Pankreas 0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Uterus 0.0083	0.0356	0.2321	4.3088
25	Brust-Hyperplasie 0.0073			
	Duenndarm 0.0125			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0044			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
35	Entwicklung 0.0154	
	Gastrointenstinal 0.0092	
	Gehirn 0.0063	
	Haematopoetisch 0.0079	
40	Herz-Blutgefaesse 0.0164	
	Lunge 0.0074	
	Niere 0.0185	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
45	Brust 0.0000	
	Eierstock-Uterus 0.0046	
50	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0128	
	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
55	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0082	
	Nerven 0.0010	
	Prostata 0.0064	
	Sinnesorgane 0.0000	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

	NORMAL	TUMOR	Vernaeltnisse
	*Haeufigkeit	*Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase 0.0046	0.0051	0.9092 1.0998
	Brust 0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0036	0.0027	1.3396 0.7465
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0017	0.0022	0.7741 1.2918
	Haematopoetisch 0.0014	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0183	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0012	0.0024	0.5267 1.8986
	Magen-Speiseroehe 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0086	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0110	0.0000 undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0095	0.0043	2.2373 0.4470
	Uterus 0.0017	0.0071	0.2321 4.3088
25	Brust-Hyperplasie 0.0073		
	Duenndarm 0.0062		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026		

	FOETUS	
	*Haeufigkeit	
35	Entwicklung 0.0154	
	Gastrointenstinal 0.0000	
	Gehirn 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0079	
40	Herz-Blutgefaesse 0.0041	
	Lunge 0.0074	
	Niere 0.0062	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	*Haeufigkeit	
45	Brust 0.0000	
	Eierstock-Uterus 0.0046	
50	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	- Foetal 0.0140	
	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0285	
55	Haut-Muskel 0.0291	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0060	
	Prostata 0.0064	
60	Sinnesorgane 0.0000	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase 0.0093	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0187	0.0022	8.5621	0.1168
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0076	0.0011	6.9669	0.1435
	Haematopoetisch 0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0053	0.0137	0.3854	2.5949
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0025	0.0071	0.3511	2.8478
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Brust-Hyperplasie 0.0036			
	Duenndarm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointenstinal 0.0000			
	Gehirn 0.0125			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Herz-Blutgefaesse 0.0000			
40	Lunge 0.0074			
	Niere 0.0185			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0140			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0068			
	Eierstock-Uterus 0.0000			
50	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	- Foetal 0.0023			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
55	Lunge 0.0082			
	Nerven 0.0040			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
60				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0093	0.0051	1.8185 0.5499
	Brust 0.0160	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0091	0.0000	undef 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0000	undef 0.0000
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0017	0.0011	1.5482 0.6459
	Haematopoetisch 0.0014	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0021	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0060	0.5710 1.7513
20	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0090	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0024	0.0000	undef 0.0000
	Uterus 0.0099	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0000		
	Gehirn 0.0063		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
40	Lunge 0.0074		
	Niere 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0558		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0023		
50	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0064		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0032		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
55	Nerven 0.0010		
	Prostata 0.0064		
	Sinnesorgane 0.0000		
60			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N		
5	Blase	0.0232	0.0026	9.0924	0.1100	
	Brust	0.0306	0.0044	7.0332	0.1422	
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef	
	Gastrointestinal	0.0252	0.0000	undef	0.0000	
	Gehirn	0.0017	0.0011	1.5482	0.6459	
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000	
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000	
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000	
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
	Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329	
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
20	Muskel-Skelett	0.0274	0.0000	undef	0.0000	
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Pankreas	0.0057	0.0000	undef	0.0000	
	Penis	0.0120	0.0267	0.4492	2.2260	
	Prostata	0.0095	0.0000	undef	0.0000	
25	Uterus	0.0132	0.0000	undef	0.0000	
	Brust-Hyperplasie	0.0291				
	Duenndarm	0.0062				
	Prostata-Hyperplasie	0.0030				
	Samenblase	0.0000				
30	Sinnesorgane	0.0118				
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
	FOETUS					
	%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0000				
	Gastrointenstinal	0.0123				
	Gehirn	0.0000				
	Haematopoetisch	0.0039				
40	Herz-Blutgefaesse	0.0041				
	Lunge	0.0000				
	Niere	0.0062				
	Prostata	0.0000				
	Sinnesorgane	0.0000				
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit					
	Brust	0.0204				
50	Eierstock-Uterus	0.0068				
	Endokrines_Gewebe	0.0000				
	Foetal	0.0047				
	Gastrointestinal	0.0000				
	Haematopoetisch	0.0000				
55	Haut-Muskel	0.0000				
	Hoden	0.0000				
	Lunge	0.0000				
	Nerven	0.0000				
	Prostata	0.0000				
60	Sinnesorgane	0.0000				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0093	0.0000	undef 0.0000
	Brust 0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0054	0.0000 undef
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0017	0.0011	1.5482 0.6459
	Haematopoetisch 0.0014	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0074	0.0275	0.2698 3.7070
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0030	0.0000	undef 0.0000
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0048	0.0000	undef 0.0000
	Uterus 0.0033	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0073		
	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0041		
40	Lunge 0.0037		
	Niere 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0000		
50	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0140		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0065		
55	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0000		
	Prostata 0.0064		
	Sinnesorgane 0.0000		
60			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0227	0.0044	5.1984 0.1924
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
10	Gastrointestinal 0.0019	0.0095	0.2036 4.9124
	Gehirn 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0149	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0064	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0012	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0153	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0060	0.2855 3.5025
	Niere 0.0059	0.0000	undef 0.0000
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus 0.0000	0.0000	undef undef
25	Brust-Hyperplasie 0.0036		
	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
40	Lunge 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0544		
	Eierstock-Uterus 0.0000		
50	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0041		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
55	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0030		
	Prostata 0.0064		
	Sinnesorgane 0.0000		
60			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Brust 0.0133	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0000	undef 0.0000
10	Gastrointestinal 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0000	0.0033	0.0000 undef
	Haematopoetisch 0.0014	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0060	0.5710 1.7513
	Niere 0.0030	0.0000	undef 0.0000
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0024	0.0064	0.3729 2.6818
	Uterus 0.0017	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0109		
	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	 FOETUS %Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
40	Lunge 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0068		
50	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0023		
	Gastrointestinal 0.0122		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
55	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
60			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Vernaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0046	0.0026	1.8185 0.5499
	Brust 0.0133	0.0022	6.1158 0.1635
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe 0.0036	0.0027	1.3396 0.7465
10	Gastrointestinal 0.0097	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0008	0.0033	0.2580 3.8754
	Haematopoetisch 0.0014	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0011	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0037	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0069	0.0060	1.1420 0.8756
	Niere 0.0149	0.0000	undef 0.0000
20	Pankreas 0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0024	0.0000	undef 0.0000
	Uterus 0.0033	0.0071	0.4642 2.1544
25	Brust-Hyperplasie 0.0036		
	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0118		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0031		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0041		
40	Lunge 0.0037		
	Niere 0.0062		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0136		
	Eierstock-Uterus 0.0046		
50	Endokrines_Gewebe 0.0490		
	Foetal 0.0198		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
55	Nerven 0.0020		
	Prostata 0.0192		
	Sinnesorgane 0.0000		
60			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0139	0.0153	0.9092 1.0998
	Brust 0.0173	0.0022	7.9505 0.1258
	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0017	0.6698 1.4930
10	Gastrointestinal 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0085	0.0142	0.5955 1.6794
	Haematopoetisch 0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0298	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0106	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0037	0.0071	0.5267 1.8986
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0103	0.0000	undef 0.0000
20	Niere 0.0178	0.0068	2.6050 0.3839
	Pankreas 0.0019	0.0055	0.3428 2.9168
	Penis 0.0000	0.0533	0.0000 undef
	Prostata 0.0048	0.0021	2.2373 0.4470
	Uterus 0.0033	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0327		
	Duenndarm 0.0062		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0118		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0244		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0039		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
40	Lunge 0.0074		
	Niere 0.0062		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0279		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0023		
50	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0114		
	Haut-Muskel 0.0065		
55	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0050		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
60			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0651	0.C204	3.1823 0.3142
	Brust 0.0400	0.C065	6.1158 0.1635
	Eierstock 0.0213	0.0026	8.1803 0.1222
	Endokrines_Gewebe 0.0109	0.0163	0.6698 1.4930
10	Gastrointestinal 0.0271	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0119	0.0066	1.8062 0.5536
	Haematopoetisch 0.0196	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0199	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0050	0.0065	0.7651 1.3069
	Herz 0.0286	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0174	0.0047	3.6870 0.2712
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0077	2.5198 0.3968
	Muskel-Skelett 0.0206	0.0120	1.7130 0.5838
	Niere 0.0089	0.0068	1.3025 0.7678
20	Pankreas 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0599	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0214	0.0362	0.5922 1.6886
	Uterus 0.0430	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0254		
	Duenndarm 0.0343		
	Prostata-Hyperplasie 0.0297		
	Samenblase 0.0356		
	Sinnesorgane 0.0118		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0092		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0197		
	Herz-Blutgefaesse 0.0041		
40	Lunge 0.0185		
	Niere 0.0309		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0816		
	Eierstock-Uterus 0.0160		
50	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0105		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
55	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0040		
	Prostata 0.0385		
	Sinnesorgane 0.0000		
60			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	N/T	Verhaeltnisse T/N
5				
	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0187	0.0022	8.5621	0.1168
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0050	0.0000	unaef	0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Brust-Hyperplasie 0.0036			
	Duenndarm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35				
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointenstinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0000			
	Herz-Blutgefaesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
45				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
50				
	Brust 0.0000			
	Eierstock-Uterus 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0000			
55	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0000			
60	Prostata 0.0064			
	Sinnesorgane 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0093	0.0102	0.9092 1.0998
	Brust 0.0267	0.0087	3.0579 0.3270
	Eierstock 0.0091	0.0156	0.5843 1.7114
10	Endokrines_Gewebe 0.0128	0.0082	1.5628 0.6399
	Gastrointestinal 0.0174	0.0095	1.8321 0.5458
	Gehirn 0.0127	0.0153	0.8294 1.2057
	Haematopoetisch 0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0149	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0149	0.0194	0.7651 1.3069
	Herz 0.0085	0.0137	0.6166 1.6218
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge 0.0212	0.0189	1.1193 0.8934
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett 0.0240	0.0120	1.9985 0.5004
	Niere 0.0119	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0114	0.0166	0.6857 1.4584
	Penis 0.0090	0.0267	0.3369 2.9680
	Prostata 0.0191	0.0298	0.6392 1.5644
	Uterus 0.0149	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0109		
	Duenndarm 0.0093		
	Prostata-Hyperplasie 0.0178		
	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0113		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0247		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0079		
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0074		
	Niere 0.0062		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0068		
50	Eierstock-Uterus 0.0160		
	Endokrines_Gewebe 0.0490		
	Foetal 0.0245		
	Gastrointestinal 0.0122		
	Haematopoetisch 0.0000		
55	Haut-Muskel 0.0227		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0164		
	Nerven 0.0211		
	Prostata 0.0256		
60	Sinnesorgane 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0179	0.0000 undef
	Brust 0.0466	0.0131	3.5675 0.2803
	Eierstock 0.0304	0.0130	2.3372 0.4279
10	Endokrines_Gewebe 0.0237	0.0300	0.7916 1.2633
	Gastrointestinal 0.0136	0.0238	0.5700 1.7544
	Gehirn 0.0424	0.0263	1.6127 0.6201
	Haematopoetisch 0.0070	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0348	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0198	0.0065	3.0606 0.3267
	Herz 0.0265	0.0687	0.3854 2.5949
	Hoden 0.0244	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0336	0.0236	1.4221 0.7032
	Magen-Speiseroehre 0.0482	0.0307	1.5749 0.6350
20	Muskel-Skelett 0.0154	0.0240	0.6424 1.5567
	Niere 0.0119	0.0274	0.4342 2.3033
	Pankreas 0.0133	0.0166	0.8000 1.2501
	Penis 0.0359	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0095	0.0170	0.5593 1.7879
25	Uterus 0.0132	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0291		
	Duenndarm 0.0187		
	Prostata-Hyperplasie 0.0149		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0052		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0154
	Gastrointestinal 0.0277
	Gehirn 0.0188
	Haematopoetisch 0.0236
40	Herz-Blutgefaesse 0.0368
	Lunge 0.0407
	Niere 0.0309
	Prostata 0.0249
	Sinnesorgane 0.0279

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust 0.0136
50	Eierstock-Uterus 0.0228
	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0280
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0171
55	Haut-Muskel 0.0648
	Hoden 0.0156
	Lunge 0.0246
	Nerven 0.0221
	Prostata 0.0192
60	Sinnesorgane 0.1393

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0093	0.0026	3.6370 0.2750
	Brust 0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe 0.0036	0.0082	0.4465 2.2395
10	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0000	0.0120	0.0000 undef
	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0053	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0037	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0077	2.5198 0.3968
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
20	Pankreas 0.0019	0.0055	0.3428 2.9168
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0048	0.0085	0.5593 1.7879
	Uterus 0.0033	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0073		
	Duenndarm 0.0062		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0092		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0039		
	Herz-Blutgefaesse 0.0041		
40	Lunge 0.0037		
	Niere 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0136		
	Eierstock-Uterus 0.0114		
50	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0087		
	Gastrointestinal 0.0122		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0065		
55	Hoden 0.0156		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0040		
	Prostata 0.0128		
	Sinnesorgane 0.0000		
60			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0093	0.0026	3.6370 0.2750
	Brust 0.0293	0.0087	3.3637 0.2973
	Eierstock 0.0091	0.0156	0.5843 1.7114
10	Endokrines_Gewebe 0.0091	0.0054	1.6745 0.5972
	Gastrointestinal 0.0155	0.0190	0.8143 1.2281
	Gehirn 0.0008	0.0077	0.1106 9.0427
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0249	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0050	0.0194	0.2550 3.9208
	Herz 0.0053	0.0550	0.0963 10.3795
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0075	0.0071	1.0534 0.9493
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0188	0.0060	3.1406 0.3184
	Niere 0.0119	0.0000	undef 0.0000
20	Pankreas 0.0095	0.0276	0.3428 2.9168
	Penis 0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0119	0.0128	0.9322 1.0727
	Uterus 0.0116	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0145		
	Duenndarm 0.0093		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0470		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0154		
	Gastrointestinal 0.0092		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0079		
	Herz-Blutgefaesse 0.0164		
40	Lunge 0.0000		
	Niere 0.0062		
	Prostata 0.0249		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0068		
	Eierstock-Uterus 0.0183		
50	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0105		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0194		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
55	Nerven 0.0020		
	Prostata 0.0192		
	Sinnesorgane 0.0000		
60			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0139	0.0077	1.8185 0.5499
	Brust 0.0227	0.0044	5.1984 0.1924
	Eierstock 0.0030	0.0156	0.1948 5.1343
	Endokrines_Gewebe 0.0109	0.0054	2.0093 0.4977
10	Gastrointestinal 0.0136	0.0143	0.9500 1.0527
	Gehirn 0.0059	0.0033	1.8062 0.5536
	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0064	0.0137	0.4624 2.1624
15	Hoden 0.0366	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0307	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0030	0.0000	undef 0.0000
20	Pankreas 0.0038	0.0055	0.6857 1.4584
	Penis 0.0210	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0024	0.0106	0.2237 4.4697
	Uterus 0.0050	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0073		
	Duenndarm 0.0218		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0035		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0123		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0041		
40	Lunge 0.0037		
	Niere 0.0000		
	Prostata 0.0249		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0272		
	Eierstock-Uterus 0.0046		
50	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0070		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0285		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0156		
	Lunge 0.0164		
	Nerven 0.0100		
55	Prostata 0.0256		
	Sinnesorgane 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0093	0.0128	0.7274	1.3748
	Brust 0.0200	0.0044	4.5868	0.2180
	Eierstock 0.0091	0.0078	1.1686	0.8557
10	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0191	0.0957	10.4512
	Gastrointestinal 0.0116	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0110	0.0197	0.5591	1.7887
	Haematopoetisch 0.0070	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0099	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0021	0.0137	0.1541	6.4872
	Hoden 0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
	Lunge 0.0075	0.0118	0.6321	1.5821
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0240	0.0714	14.0102
	Niere 0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
	Penis 0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0238	0.0192	1.2429	0.8046
25	Uterus 0.0116	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0036			
	Duenndarm 0.0125			
	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
	Samenblase 0.0178			
30	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0061			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
35	Entwicklung 0.0000	
	Gastrointenstinal 0.0092	
	Gehirn 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0157	
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000	
	Lunge 0.0074	
	Niere 0.0062	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
45	Brust 0.0136	
	Eierstock-Uterus 0.0068	
50	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0192	
	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0114	
55	Haut-Muskel 0.0097	
	Hoden 0.0234	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0131	
	Prostata 0.0064	
60	Sinnesorgane 0.0000	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust 0.0147	0.0022	6.7274	0.1486
	Eierstock 0.0091	0.0052	1.7529	0.5705
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0027	0.0000	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Gehirn 0.0008	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch 0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus 0.0033	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Duenndarm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0154
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Niere 0.0062
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0279
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
	Brust 0.0000
50	Eierstock-Uterus 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0041
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
55	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0020
	Prostata 0.0000
60	Sinnesorgane 0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltrisse N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0227	0.0022	10.3969	0.0962
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Duenndarm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009			

	FOETUS %Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0136		
50	Eierstock-Uterus 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0017		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
55	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0325	0.0077	4.2431 0.2357
	Brust 0.0386	0.0065	5.9119 0.1691
	Eierstock 0.0112	0.0000	undef 0.0000
10	Endokrines_Gewebe 0.0036	0.0027	1.3396 0.7465
	Gastrointestinal 0.0058	0.0048	1.2214 0.8187
	Gehirn 0.0110	0.0033	3.3545 0.2981
	Haematopoetisch 0.0140	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0149	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0039	0.0065	1.5303 0.6535
	Herz 0.0085	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0122	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0112	0.0000	undef 0.0000
20	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0230	0.8399 1.1905
	Muskel-Skelett 0.0137	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Pankreas 0.0019	0.0110	0.1714 5.8337
	Penis 0.0120	0.0000	undef 0.0000
25	Prostata 0.0071	0.0021	3.3559 0.2980
	Uterus 0.0165	0.0071	2.3208 0.4309
	Brust-Hyperplasie 0.0036		
	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	FOETUS		
35	%Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0062		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0079		
40	Herz-Blutgefaesse 0.0041		
	Lunge 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000.		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0544		
50	Eierstock-Uterus 0.0114		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0122		
	Haematopoetisch 0.0114		
55	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0060		
	Prostata 0.0128		
60	Sinnesorgane 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase 0.0046	0.0077	0.6062	1.6497
	Brust 0.1053	0.0131	8.0525	0.1242
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal 0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
	Gehirn 0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch 0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0348	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Herz 0.0201	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden 0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel_Skelett 0.0223	0.0240	0.9279	1.0777
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas 0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0024	0.0043	0.5593	1.7879
	Uterus 0.0083	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0618			
	Duenndarm 0.0093			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0178			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0062			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Herz-Blutgefaesse 0.0000			
40	Lunge 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.1632			
	Eierstock-Uterus 0.0000			
50	Endokrines_Gewebe 0.0490			
	Foetal 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
55	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse		
			N/T	T/N	
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000	undef	
	Brust 0.0227	0.0044	5.1984	0.1924	
	Eierstock 0.0000	0.0052	0.0000	undef	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef	
	Gastrointestinal 0.0039	0.0048	0.8143	1.2281	
	Gehirn 0.0000	0.0099	0.0000	undef	
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef	
	Haut 0.0099	0.0000	undef	0.0000	
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef	
	Herz 0.0085	0.0000	undef	0.0000	
Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef		
Lunge 0.0037	0.0047	0.7901	1.2657		
Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef	0.0000		
20	Muskel-Skelett 0.0154	0.0060	2.5696	0.3892	
	Niere 0.0000	0.0068	0.0000	undef	
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef	
	Penis 0.0060	0.0000	undef	0.0000	
	Prostata 0.0191	0.0043	4.4745	0.2235	
	Uterus 0.0017	0.0427	0.0387	25.8527	
25	Brust-Hyperplasie 0.0036				
	Duenndarm 0.0125				
	Prostata-Hyperplasie 0.0089				
	Samenblase 0.0000				
	Sinnesorgane 0.0118				
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000				
FOETUS					
35	%Haeufigkeit				
	Entwicklung 0.0000				
	Gastrointenstinal 0.0031				
	Gehirn 0.0063				
	Haematopoetisch 0.0000				
	Herz-Blutgefaesse 0.0000				
	Lunge 0.0185				
	Niere 0.0000				
	Prostata 0.0000				
	Sinnesorgane 0.0000				
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
50	%Haeufigkeit				
	Brust 0.0068				
	Eierstock-Uterus 0.0068				
	Endokrines_Gewebe 0.0000				
	Foetal 0.0012				
	Gastrointestinal 0.0000				
	Haematopoetisch 0.0000				
	Haut-Muskel 0.0000				
	Hoden 0.0000				
	Lunge 0.0082				
	Nerven 0.0020				
	Prostata 0.0128				
	Sinnesorgane 0.0000				
	55				
	60				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N		
5	Blase	0.0325	0.0051	6.3647	0.1571	
	Brust	0.0267	0.0065	4.0772	0.2453	
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1686	0.8557	
10	Endokrines_Gewebe	0.0146	0.0000	undef	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0039	0.0095	0.4071	2.4562	
	Gehirn	0.0068	0.0307	0.2212	4.5213	
	Haematopoetisch	0.0028	0.0378	0.0739	13.5274	
	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000	
15	Hepatisch	0.0198	0.0129	1.5303	0.6535	
	Herz	0.1303	0.3299	0.3950	2.5316	
	Hoden	0.0183	0.0351	0.5224	1.9144	
	Lunge	0.0174	0.0118	1.4748	0.6781	
20	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0460	0.2100	4.7622	
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0300	0.6281	1.5921	
	Niere	0.0119	0.0479	0.2481	4.0308	
	Pankreas	0.0057	0.0055	1.0285	0.9723	
	Penis	0.0180	0.0267	0.6739	1.4840	
	Prostata	0.0143	0.0021	6.7118	0.1490	
25	Uterus	0.0149	0.0000	undef	0.0000	
	Brust-Hyperplasie	0.0327				
	Duenndarm	0.0093				
	Prostata-Hyperplasie	0.0208				
	Samenblase	0.0000				
30	Sinnesorgane	0.1058				
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				

	FOETUS					
	%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0000				
	Gastrointenstinal	0.0031				
	Gehirn	0.0000				
	Haematopoetisch	0.0000				
40	Herz-Blutgefaesse	0.0000				
	Lunge	0.0074				
	Niere	0.0000				
	Prostata	0.0000				
	Sinnesorgane	0.0977				

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit					
45	Brust	0.0408				
50	Eierstock-Uterus	0.0137				
	Endokrines_Gewebe	0.0000				
	Foetal	0.0122				
	Gastrointestinal	0.0244				
	Haematopoetisch	0.0000				
55	Haut-Muskel	0.0032				
	Hoden	0.0000				
	Lunge	0.0246				
	Nerven	0.0090				
	Prostata	0.0000				
60	Sinnesorgane	0.0852				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5				
	Blase 0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust 0.0253	0.0044	5.8100	0.1721
	Eierstock 0.0158	0.0338	0.4495	2.2249
10	Endokrines_Gewebe 0.0109	0.0054	2.0093	0.4977
	Gastrointestinal 0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0136	0.0044	3.0964	0.3230
	Haematopoetisch 0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0099	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz 0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0062	0.0024	2.6336	0.3797
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
	Pankreas 0.0019	0.0110	0.1714	5.8337
	Penis 0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0095	0.0064	1.4915	0.6705
	Uterus 0.0083	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0036			
	Duenndarm 0.0093			
	Prostata-Hyperplasie 0.0089			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0096			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointenstinal 0.0123			
	Gehirn 0.0188			
	Haematopoetisch 0.0079			
40	Herz-Blutgefaesse 0.0082			
	Lunge 0.0111			
	Niere 0.0124			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
50	Eierstock-Uterus 0.0023			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0099			
	Gastrointestinal 0.0122			
	Haematopoetisch 0.0000			
55	Haut-Muskel 0.0227			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0070			
	Prostata 0.0064			
60	Sinnesorgane 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltrisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0200	0.0022	9.1737 0.1090
	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0058	0.0048	1.2214 0.8187
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0056	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0249	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0064	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0038	0.0055	0.6857 1.4584
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus 0.0000	0.0000	undef undef
25	Brust-Hyperplasie 0.0254		
	Duenndarm 0.0125		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0031
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Niere 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0000
50	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
55	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0064
	Sinnesorgane 0.0000

60

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0051	0.0000 undef
	Brust 0.0133	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
10	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0011	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0062	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0024	0.0021	1.1186 0.8939
	Uterus 0.0000	0.0000	undef undef
25	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0031		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0235		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit	
35	Entwicklung 0.0000	
	Gastrointestinal 0.0000	
	Gehirn 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Herz-Blutgefaesse 0.0000	
40	Lunge 0.0000	
	Niere 0.0124	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust 0.0068	
	Eierstock-Uterus 0.0023	
50	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0006	
	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0000	
55	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0000	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	

60

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0186	0.0077	2.4246 0.4124
	Brust 0.0133	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0036	0.0027	1.3396 0.7465
10	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0017	0.0033	0.5161 1.9377
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0149	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0149	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.1494	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0162	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett 0.0394	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0150	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0024	0.0106	0.2237 4.4697
	Uterus 0.0116	0.0142	0.8123 1.2311
25	Brust-Hyperplasie 0.0036		
	Duenndarm 0.0093		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0118		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0031		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.1472		
40	Lunge 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0408		
	Eierstock-Uterus 0.0274		
50	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0012		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0130		
55	Hoden 0.0234		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
60			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

	NORMAL §Haeufigkeit	TUMOR §Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0186	0.0077	2.4246 0.4124
	Brust 0.0293	0.0087	3.3637 0.2973
	Eierstock 0.0091	0.0234	0.3895 2.5671
10	Endokrines_Gewebe 0.0091	0.0327	0.2791 3.5833
	Gastrointestinal 0.0116	0.0143	0.8143 1.2281
	Gehirn 0.0110	0.0110	1.0063 0.9937
	Haematopoetisch 0.0112	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0199	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0149	0.0065	2.2954 0.4356
	Herz 0.0392	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden 0.0122	0.0117	1.0447 0.9572
	Lunge 0.0224	0.0071	3.1603 0.3164
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0230	0.4200 2.3811
	Muskel-Skelett 0.0188	0.0300	0.6281 1.5921
	Niere 0.0119	0.0137	0.8683 1.1517
20	Pankreas 0.0076	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0150	0.0267	0.5615 1.7808
	Prostata 0.0238	0.0128	1.8644 0.5364
	Uterus 0.0198	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0182		
	Duenndarm 0.0125		
	Prostata-Hyperplasie 0.0178		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0252		
	FOETUS		
	§Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0154		
	Gastrointestinal 0.0092		
	Gehirn 0.0063		
	Haematopoetisch 0.0157		
	Herz-Blutgefaesse 0.0245		
	Lunge 0.0074		
40	Niere 0.0000		
	Prostata 0.0997		
	Sinnesorgane 0.0279		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	§Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0297		
50	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0251		
	Gastrointestinal 0.0732		
	Haematopoetisch 0.0114		
	Haut-Muskel 0.0615		
	Hoden 0.0234		
	Lunge 0.0164		
55	Nerven 0.0171		
	Prostata 0.0192		
	Sinnesorgane 0.0232		
60			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0051	0.0000 undef
	Brust 0.0080	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0091	0.0000	undef 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0109	0.0000 undef
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0008	0.0033	0.2580 3.8754
	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz 0.0011	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0075	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0386	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0120	0.1428 7.0051
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
20	Pankreas 0.0019	0.0055	0.3428 2.9168
	Penis 0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0024	0.0043	0.5593 1.7879
	Uterus 0.0033	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0062		
	Gehirn 0.0063		
	Haematopoetisch 0.0079		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
40	Lunge 0.0074		
	Niere 0.0124		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0140		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0204		
	Eierstock-Uterus 0.0091		
50	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0227		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0097		
55	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0030		
	Prostata 0.0128		
	Sinnesorgane 0.0000		
60			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0093	0.0077	1.2123 0.8249
	Brust 0.0133	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0078	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0000	undef 0.0000
10	Gastrointestinal 0.0097	0.0095	1.0178 0.9825
	Gehirn 0.0025	0.0099	0.2580 3.8754
	Haematopoetisch 0.0084	0.0378	0.2218 4.5091
	Haut 0.0099	0.0847	0.1175 8.5131
	Hepatisch 0.0099	0.0065	1.5303 0.6535
	Herz 0.0011	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0100	0.0095	1.0534 0.9493
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0343	0.0060	5.7101 0.1751
	Niere 0.0000	0.0137	0.0000 undef
20	Pankreas 0.0000	0.0110	0.0000 undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0071	0.0043	1.6779 0.5960
	Uterus 0.0071	0.0071	0.4642 2.1544
25	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0062		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0118		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0209		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0039		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
40	Lunge 0.0000		
	Niere 0.0062		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0160		
50	Endokrines_Gewebe 0.0735		
	Foetal 0.0140		
	Gastrointestinal 0.0366		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
55	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0010		
	Prostata 0.0128		
	Sinnesorgane 0.0000		
60			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0051	0.0000 undef
	Brust 0.0213	0.0044	4.8926 0.2044
	Eierstock 0.0091	0.0182	0.5008 1.9967
	Endokrines_Gewebe 0.0091	0.0191	0.4784 2.0902
10	Gastrointestinal 0.0019	0.0190	0.1018 9.8248
	Gehirn 0.0034	0.0066	0.5161 1.9377
	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000 undef
15	Herz 0.0106	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0183	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0075	0.0095	0.7901 1.2657
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef 0.0000
20	Niere 0.0059	0.0137	0.4342 2.3033
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0150	0.1066	0.1404 7.1232
	Prostata 0.0119	0.0064	1.8644 0.5364
	Uterus 0.0182	0.0071	2.5529 0.3917
25	Brust-Hyperplasie 0.0254		
	Duenndarm 0.0093		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0031		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0039		
	Herz-Blutgefaesse 0.0204		
40	Lunge 0.0370		
	Niere 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0279		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0136		
	Eierstock-Uterus 0.0000		
50	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0087		
	Gastrointestinal 0.0122		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0130		
55	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0164		
	Nerven 0.0010		
	Prostata 0.0128		
	Sinnesorgane 0.0000		
60			

Elektronischer Northerm für SEQ. ID. NO: 54

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0093	0.0077	1.2123 0.8249
	Brust 0.0200	0.0044	4.5868 0.2180
	Eierstock 0.0152	0.0104	1.4608 0.6846
	Endokrines_Gewebe 0.0091	0.0054	1.6745 0.5972
10	Gastrointestinal 0.0039	0.0048	0.8143 1.2281
	Gehirn 0.0110	0.0033	3.3545 0.2981
	Haematopoetisch 0.0056	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0149	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0198	0.0000	undef 0.0000
15	Herz 0.0064	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0122	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0062	0.0071	0.8779 1.1391
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett 0.0051	0.0240	0.2141 4.6701
	Niere 0.0178	0.0000	undef 0.0000
20	Pankreas 0.0019	0.0110	0.1714 5.8337
	Penis 0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0119	0.0043	2.7966 0.3576
	Uterus 0.0050	0.0214	0.2321 4.3088
25	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0062		
	Prostata-Hyperplasie 0.0208		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0540		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0123		
	Gehirn 0.0250		
	Haematopoetisch 0.0275		
	Herz-Blutgefaesse 0.0082		
40	Lunge 0.0037		
	Niere 0.0185		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0558		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0136		
	Eierstock-Uterus 0.0046		
50	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0023		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0130		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0082		
55	Nerven 0.0040		
	Prostata 0.0064		
	Sinnesorgane 0.0310		
60			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Vernaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0046	0.0000	undef 0.0000
	Brust 0.0227	0.0044	5.1984 0.1924
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0000	undef 0.0000
10	Gastrointestinal 0.0058	0.0048	1.2214 0.8187
	Gehirn 0.0059	0.0011	5.4187 0.1845
	Haematopoetisch 0.0014	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0446	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0095	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0075	0.0071	1.0534 0.9493
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0307	0.3150 3.1748
	Muskel-Skelett 0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0208	0.0068	3.0391 0.3290
20	Pankreas 0.0038	0.0110	0.3428 2.9168
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0119	0.0106	1.1186 0.8939
	Uterus 0.0017	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0254		
	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0383		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0118		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
40	Lunge 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0068		
	Eierstock-Uterus 0.0137		
50	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0122		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0057		
	Haut-Muskel 0.0065		
55	Hoden 0.0156		
	Lunge 0.0082		
	Nerven 0.0070		
	Prostata 0.0128		
	Sinnesorgane 0.0000		
60			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastricintestinal 0.0000	0.0000	undef undef
10	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus 0.0000	0.0000	undef undef
25	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
40	Lunge 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0000		
50	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0000		
	Gastricintestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
55	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		

60

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Brust 0.0107	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0213	0.0026	8.1803 0.1222
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0054	0.0000 undef
10	Gastrointestinal 0.0039	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0212	0.0077	2.7647 0.3617
	Haematopoetisch 0.0000	0.0378	0.0000 undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0050	0.0000	undef 0.0000
15	Herz 0.0021	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0244	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0087	0.0047	1.8435 0.5424
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0060	0.2855 3.5025
20	Niere 0.0030	0.0068	0.4342 2.3033
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0000	0.0021	0.0000 undef
	Uterus 0.0033	0.0142	0.2321 4.3088
25	Brust-Hyperplasie 0.0036		
	Duenndarm 0.0031		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		

	FOETUS %Haeufigkeit	
35	Entwicklung 0.0000	
	Gastrointestinal 0.0062	
	Gehirn 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Herz-Blutgefaesse 0.0000	
40	Lunge 0.0111	
	Niere 0.0062	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust 0.0000	
	Eierstock-Uterus 0.0000	
50	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	- Foetal 0.0047	
	Gastrointestinal 0.0122	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0000	
55	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0050	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0155	

60

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Brust 0.0133	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0104	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0008	0.0011	0.7741 1.2918
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz 0.0011	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0071	0.0021	3.3559 0.2980
	Uterus 0.0017	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0036		
	Duenndarm 0.0031		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
40	Lunge 0.0074
	Niere 0.0062
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0279

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0000
50	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0082
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0097
55	Hoden 0.0156
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0040
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

60

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 60

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltrisse N/T T/N
5	Blase 0.0186	0.0051	3.6370 0.2750
	Brust 0.0160	0.0044	3.6695 0.2725
	Eierstock 0.0061	0.0052	1.1686 0.8557
	Endokrines_Gewebe 0.0201	0.1634	0.1228 8.1438
10	Gastrointestinal 0.0039	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0305	0.0110	2.7868 0.3588
	Haematopoetisch 0.0014	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz 0.0244	0.0275	0.8864 1.1282
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0050	0.0047	1.0534 0.9493
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0120	0.0060	1.9985 0.5004
20	Niere 0.0000	0.0205	0.0000 undef
	Pankreas 0.0000	0.0110	0.0000 undef
	Penis 0.0359	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0119	0.0149	0.7990 1.2515
	Uterus 0.0099	0.0071	1.3925 0.7181
25	Brust-Hyperplasie 0.0109		
	Duenndarm 0.0093		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0353		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0092		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0039		
	Herz-Blutgefaesse 0.0082		
40	Lunge 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0140		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0068		
	Eierstock-Uterus 0.0046		
50	Endokrines_Gewebe 0.0490		
	Foetal 0.0035		
	Gastrointestinal 0.0244		
	Haematopoetisch 0.0114		
	Haut-Muskel 0.0000		
55	Hoden 0.0156		
	Lunge 0.0082		
	Nerven 0.0161		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
60			

Elektronischer Northerm für SEQ. ID. NO: 61

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0046	0.0051	0.9092 1.0998
	Brust 0.0306	0.0022	14.0663 0.0711
	Eierstock 0.0030	0.0078	0.3895 2.5671
10	Endokrines_Gewebe 0.0055	0.0027	2.0093 0.4977
	Gastrointestinal 0.0058	0.0238	0.2443 4.0937
	Gehirn 0.0068	0.0022	3.0964 0.3230
	Haematopoetisch 0.0014	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0199	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz 0.0085	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0075	0.0047	1.5801 0.6329
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0060	0.2855 3.5025
	Niere 0.0030	0.0068	0.4342 2.3033
25	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0024	0.0043	0.5593 1.7879
	Uterus 0.0033	0.0000	undef 0.0000
30	Brust-Hyperplasie 0.0145		
	Duenndarm 0.0125		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	 FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0062		
	Gehirn 0.0063		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
40	Lunge 0.0074		
	Niere 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0068		
	Eierstock-Uterus 0.0137		
50	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0052		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
55	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0020		
	Prostata 0.0128		
	Sinnesorgane 0.0155		

60

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust 0.0120	0.0022	5.5042	0.1817
10	Eierstock 0.0030	0.0104	0.2922	3.4228
	Endokrines_Gewebe 0.0055	0.0027	2.0093	0.4977
	Gastrointestinal 0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
	Gehirn 0.0119	0.0131	0.9031	1.1073
	Haematopoetisch 0.0070	0.0000	undef	0.0000
15	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz 0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Hoden 0.0183	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0090	0.0000	undef	0.0000
25	Prostata 0.0024	0.0085	0.2797	3.5758
	Uterus 0.0083	0.0142	0.5802	1.7235
	Brust-Hyperplasie 0.0073			
	Duenndarm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
30	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0044			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
35	Entwicklung 0.0307	
	Gastrointestinal 0.0123	
	Gehirn 0.0000	
40	Haematopoetisch 0.0079	
	Herz-Blutgefaesse 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Niere 0.0000	
	Prostata 0.0000	
45	Sinnesorgane 0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
50	Brust 0.0000	
	Eierstock-Uterus 0.0023	
	Endokrines_Gewebe 0.0245	
	Foetal 0.0052	
	Gastrointestinal 0.0000	
55	Haematopoetisch 0.0171	
	Haut-Muskel 0.0097	
	Hoden 0.0078	
	Lunge 0.0246	
	Nerven 0.0271	
60	Prostata 0.0192	
	Sinnesorgane 0.0000	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5				
	Blase 0.0232	0.0204	1.1366	0.8799
	Brust 0.0267	0.0087	3.0579	0.3270
10	Eierstock 0.0304	0.0130	2.3372	0.4279
	Endokrines_Gewebe 0.0529	0.0735	0.7194	1.3901
	Gastrointestinal 0.0174	0.0048	3.6642	0.2729
	Gehirn 0.0170	0.0208	0.8148	1.2272
	Haematopoetisch 0.0070	0.0378	0.1848	5.4110
	Haut 0.0199	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0198	0.0000	undef	0.0000
	Herz 0.0180	0.0550	0.3276	3.0528
	Hoden 0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
	Lunge 0.0249	0.0118	2.1069	0.4746
20	Magen-Speiseroehre 0.0386	0.0153	2.5198	0.3968
	Muskel-Skelett 0.0120	0.0180	0.6662	1.5011
	Niere 0.0089	0.0068	1.3025	0.7678
	Pankreas 0.0170	0.0055	3.0855	0.3241
	Penis 0.0509	0.0000	undef	0.0000
25	Prostata 0.0357	0.0149	2.3971	0.4172
	Uterus 0.0297	0.0214	1.3925	0.7181
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Duenndarm 0.0093			
	Prostata-Hyperplasie 0.0178			
	Samenblase 0.0267			
30	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0154			
	Gastrointenstinal 0.0185			
	Gehirn 0.0125			
40	Haematopoetisch 0.0000			
	Herz-Blutgefaesse 0.0491			
	Lunge 0.0037			
	Niere 0.0432			
	Prostata 0.0000			
45	Sinnesorgane 0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0272			
	Eierstock-Uterus 0.0342			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0157			
55	Gastrointestinal 0.0122			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0648			
	Hoden 0.0312			
	Lunge 0.0246			
	Nerven 0.0151			
60	Prostata 0.0192			
	Sinnesorgane 0.0697			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Vernaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0232	0.0102	2.2731 0.4399
	Brust 0.0240	0.0065	3.6695 0.2725
	Eierstock 0.0213	0.0416	0.5113 1.9559
10	Endokrines_Gewebe 0.0237	0.0027	8.7071 0.1148
	Gastrointestinal 0.0213	0.0381	0.5598 1.7863
	Gehirn 0.0136	0.0099	1.3762 0.7266
	Haematopoetisch 0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0248	0.0129	1.9129 0.5228
	Herz 0.0191	0.0137	1.3873 0.7208
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge 0.0112	0.0095	1.1851 0.8438
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett 0.0051	0.0060	0.8565 1.1675
	Niere 0.0149	0.0205	0.7236 1.3820
	Pankreas 0.0076	0.0055	1.3713 0.7292
	Penis 0.0269	0.0267	1.0108 0.9893
	Prostata 0.0333	0.0170	1.9576 0.5108
	Uterus 0.0099	0.0071	1.3925 0.7181
25	Brust-Hyperplasie 0.0145		
	Duenndarm 0.0343		
	Prostata-Hyperplasie 0.0178		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0139		

	FOETUS %Haeufigkeit	
35	Entwicklung 0.0000	
	Gastrointestinal 0.0062	
	Gehirn 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0039	
40	Herz-Blutgefaesse 0.0082	
	Lunge 0.0000	
	Niere 0.0062	
	Prostata 0.0249	
	Sinnesorgane 0.0140	
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust 0.0000	
50	Eierstock-Uterus 0.0137	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0023	
	Gastrointestinal 0.0244	
	Haematopoetisch 0.0000	
55	Haut-Muskel 0.0227	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0110	
	Prostata 0.0385	
60	Sinnesorgane 0.0155	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0139	0.0026	5.4554 0.1833
	Brust 0.0093	0.0022	4.2811 0.2336
	Eierstock 0.0000	0.0130	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0036	0.0082	0.4465 2.2395
	Gastricintestinal 0.0000	0.0095	0.0000 undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0085	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0012	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0048	0.0000	undef 0.0000
	Uterus 0.0066	0.0214	0.3094 3.2316
25	Brust-Hyperplasie 0.0109		
	Duenndarm 0.0093		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0178		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Herz-Blutgefaesse 0.0041
	Lunge 0.0000
	Niere 0.0062
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0000
50	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0070
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
55	Haut-Muskel 0.0065
	Hoden 0.0078
	Lunge 0.0164
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0064
60	Sinnesorgane 0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5			
	Blase 0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Brust 0.0120	0.0022	5.5042 0.1817
	Eierstock 0.0030	0.0052	0.5843 1.7114
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0054	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0039	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0008	0.0033	0.2580 3.8754
	Haematopoetisch 0.0070	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge 0.0062	0.0071	0.8779 1.1391
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
25	Prostata 0.0119	0.0000	undef 0.0000
	Uterus 0.0033	0.0071	0.4642 2.1544
	Brust-Hyperplasie 0.0036		
	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0061		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0236		
	Herz-Blutgefaesse 0.0082		
	Lunge 0.0074		
	Niere 0.0000		
	Prostata 0.0000		
45	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
50	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0046		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0023		
	Gastrointestinal 0.0000		
55	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0130		
	Hoden 0.0078		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0020		
60	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0232	0.0051	4.5462 C.2200
	Brust 0.0506	0.0044	11.62000.0861
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0036	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0028	0.0378	0.0739 13.5274
	Haut 0.0348	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz 0.0254	0.0137	1.8498 0.5406
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0025	0.0071	0.3511 2.8478
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0240	0.0714 14.0102
20	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0024	0.0000	undef 0.0000
	Uterus 0.0017	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0872		
	Duenndarm 0.0093		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0044		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0062		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0157		
	Herz-Blutgefaesse 0.0082		
40	Lunge 0.0074		
	Niere 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0023		
50	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0035		
	Gastrointestinal 0.0122		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
55	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0020		
	Prostata 0.0064		
	Sinnesorgane 0.0000		
60			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0046	0.0077	0.6062 1.6497
	Brust 0.0253	0.0044	5.8100 0.1721
	Eierstock 0.0152	0.0312	0.4869 2.0537
10	Endokrines_Gewebe 0.0146	0.0163	0.8930 1.1198
	Gastrointestinal 0.0078	0.0048	1.6285 0.6141
	Gehirn 0.0170	0.0110	1.5482 0.6459
	Haematopoetisch 0.0056	0.0378	0.1478 6.7637
	Haut 0.0099	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0050	0.0065	0.7651 1.3069
	Herz 0.0106	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0050	0.0118	0.4214 2.3732
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0300	0.0571 17.5127
	Niere 0.0297	0.0205	1.4472 0.6910
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0180	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0048	0.0085	0.5593 1.7879
	Uterus 0.0198	0.0142	1.3925 0.7181
25	Brust-Hyperplasie 0.0327		
	Duenndarm 0.0125		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0154
	Gastrointestinal 0.0123
	Gehirn 0.0063
	Haematopoetisch 0.0079
40	Herz-Blutgefaesse 0.0123
	Lunge 0.0259
	Niere 0.0124
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0140

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust 0.0136
50	Eierstock-Uterus 0.0023
	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0070
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
55	Haut-Muskel 0.0065
	Hoden 0.0156
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0141
	Prostata 0.0064
	Sinnesorgane 0.0000

60

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef 0.0000
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0051	0.0033	1.5482 0.6459
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0011	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0037	0.0024	1.5801 0.6329
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0059	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus 0.0000	0.0000	undef undef
25	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit	
35	Entwicklung 0.0000	
	Gastrointestinal 0.0000	
	Gehirn 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Niere 0.0000	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust 0.0000	
50	Eierstock-Uterus 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0105	
	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
55	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0100	
	Prostata 0.0000	
60	Sinnesorgane 0.0077	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 71

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	Verhaeltnisse T/N
5					
10	Blase	0.0232	0.0051	4.5462	0.2200
	Brust	0.0173	0.0044	3.9753	0.2516
	Eierstock	0.0091	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0163	0.3349	2.9861
	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
	Gehirn	0.0034	0.0131	0.2580	3.8754
15	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0047	1.3168	0.7594
20	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2599	0.7937
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0119	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0076	0.0166	0.4571	2.1876
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
25	Prostata	0.0071	0.0085	0.8390	1.1919
	Uterus	0.0165	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duenndarm	0.0031			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
40	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointenstinal	0.0062			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaesse	0.0123			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0091			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden	0.0156			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
	5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000 undef
		Brust	0.0107	0.0000	undef 0.0000
10		Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000 undef
		Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000 undef
		Gastrointestinal	0.0078	0.0000	undef 0.0000
		Gehirn	0.0017	0.0055	0.3096 3.2295
15		Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef 0.0000
		Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000
		Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000 undef
		Herz	0.0042	0.0000	undef 0.0000
		Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
		Lunge	0.0012	0.0024	0.5267 1.8986
20		Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000 undef
		Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
		Niere	0.0089	0.0000	undef 0.0000
		Pankreas	0.0019	0.0000	undef 0.0000
		Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000
25		Prostata	0.0095	0.0043	2.2373 0.4470
		Uterus	0.0017	0.0071	0.2321 4.3088
		Brust-Hyperplasie	0.0000		
		Duenndarm	0.0000		
30		Prostata-Hyperplasie	0.0059		
		Samenblase	0.0000		
		Sinnesorgane	0.0000		
		Weisse_Blutkoerperchen	0.0009		
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
		Entwicklung	0.0000		
		Gastrointestinal	0.0092		
		Gehirn	0.0000		
40		Haematopoetisch	0.0039		
		Herz-Blutgefaesse	0.0000		
		Lunge	0.0000		
		Niere	0.0062		
45		Prostata	0.0000		
		Sinnesorgane	0.0000		
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50		Brust	0.0068		
		Eierstock-Uterus	0.0068		
		Endokrines_Gewebe	0.0000		
		Foetal	0.0035		
55		Gastrointestinal	0.0000		
		Haematopoetisch	0.0171		
		Haut-Muskel	0.0097		
		Hoden	0.0000		
		Lunge	0.0082		
		Nerven	0.0030		
60		Prostata	0.0128		
		Sinnesorgane	0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 74

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust 0.0093	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0024	0.0000	undef
20	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Prostata 0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus 0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Duenndarm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
30	Samenblase 0.0089			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
35	FOETUS %Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointenstinal 0.0000			
40	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Herz-Blutgefaesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Niere 0.0000			
45	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
	Eierstock-Uterus 0.0114			
	Endokrines_Gewebe 0.0245			
55	Foetal 0.0006			
	Gastrointestinal 0.0122			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
60	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0010			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
65				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 76

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0153	0.0000 undef
	Brust 0.0080	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0078	0.3895 2.5671
10	Endokrines_Gewebe 0.0036	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000	0.0190	0.0000 undef
	Gehirn 0.0017	0.0033	0.5161 1.9377
	Haematopoetisch 0.0056	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge 0.0012	0.0024	0.5267 1.8986
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0069	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0060	0.0000	undef 0.0000
25	Prostata 0.0024	0.0021	1.1186 0.8939
	Uterus 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0031		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0035		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0031		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Niere 0.0062		
	Prostata 0.0000		
45	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
50	Brust 0.0136		
	Eierstock-Uterus 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0735		
	Foetal 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
55	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0010		
60	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0077		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 161

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0100	0.0136	0.7358	1.3590
	Blase	0.0195	0.0164	1.1854	0.8436
	Brust	0.0176	0.0042	4.1747	0.2395
	Dickdarm	0.0115	0.0142	0.8073	1.2386
10	Duenndarm	0.0055	0.0213	0.2577	3.8812
	Eierstock	0.0030	0.0095	0.3111	3.2146
	Endokrines_Gewebe	0.0048	0.0089	0.5432	1.8409
	Gehirn	0.0104	0.0120	0.8704	1.1489
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
	Herz	0.0030	0.0137	0.2215	4.5144
	Hoden	0.0120	0.0118	1.0178	0.9825
	Lunge	0.0049	0.0055	0.8770	1.1402
20	Magen-Speiseroehre	0.0072	0.0128	0.5668	1.7644
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0111	1.3917	0.7186
	Niere	0.0045	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0282
	Prostata	0.0075	0.0104	0.7235	1.3821
25	T_Lymphom	0.0076	0.0448	0.1691	5.9152
	Uterus	0.0089	0.0138	0.6426	1.5563
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0094			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0141			
	Sinnesorgane	0.0000			
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0313			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
40	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0371			
45	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0251			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0090			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 162

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Vernaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Blase 0.0078	0.0000	undef 0.0000
	Brust 0.0123	0.0042	2.9223 0.3422
	Dickdarm 0.0096	0.0028	3.3639 0.2973
10	Duenndarm 0.0003	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe 0.0032	0.0195	0.1646 6.0749
	Gehirn 0.0041	0.0040	1.0155 0.9848
	Haut 0.0110	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0080	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0039	0.0018	2.1049 0.4751
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0051	0.0037	1.3917 0.7186
	Niere 0.0067	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0075	0.0026	2.8941 0.3455
	T_Lymphom 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus 0.0059	0.0276	0.2142 4.6688
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0013		
	Penis 0.0134		
	Samenblase 0.0070		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0139		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
40	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
45	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
50	Brust 0.0000		
	Brust_t 0.0000		
	Dickdarm_t 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
55	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0017		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
60	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden_n 0.0000		
	Hoden_t 0.0000		
	Lunge_n 0.0000		
	Lunge_t 0.0000		
65	Nerven 0.0040		
	Niere_t 0.0000		
	Ovar_Uterus 0.0180		
	Prostata_n 0.0061		
	Sinnesorgane 0.0542		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 163

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0097	0.0000	undef 0.0000
	Dickdarm 0.0038	0.0057	0.6728 1.4864
10	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0030	0.0024	1.2443 0.8036
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0035	0.0000 undef
	Gehirn 0.0041	0.0030	1.3539 0.7386
	Haut 0.0110	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0063	0.0000 undef
	Herz 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0080	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0039	0.0037	1.0524 0.9502
	Magen-Speiseroehe 0.0072	0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett 0.0103	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0045	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0028	0.0013	2.1706 0.4607
	T_Lymphom 0.0025	0.0075	0.3381 2.9576
25	Uterus 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000		
	Penis 0.0027		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0028		
	Gehirn 0.0063		
	Haematopoetisch 0.0039		
	Haut 0.0000		
40	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0036		
	Lunge 0.0000		
	Nebenniere 0.0507		
	Niere 0.0000		
45	Placenta 0.0121		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
50	Brust 0.0680		
	Brust_t 0.0000		
	Dickdarm_t 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0051		
55	Endokrines_Gewebe 0.0245		
	Foetal 0.0029		
	Gastrointestinal 0.0122		
	Haematopoetisch 0.0513		
	Haut-Muskel 0.0130		
60	Hoden_n 0.0042		
	Hoden_t 0.0000		
	Lunge_n 0.0000		
	Lunge_t 0.0000		
	Nerven 0.0121		
65	Niere_t 0.0000		
	Ovar_Uterus 0.0023		
	Prostata_n 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 164

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0000	0.0000	undef undef
	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0044	0.0000	undef 0.0000
	Dickdarm 0.0000	0.0057	0.0000 undef
10	Duenndarm 0.0082	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0080	0.0035	2.2634 0.4418
	Gehirn 0.0168	0.0080	2.1034 0.4754
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0063	0.0000 undef
	Herz 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0040	0.0059	0.6786 1.4737
	Lunge 0.0029	0.0092	0.3157 3.1673
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0034	0.0037	0.9278 1.0778
	Niere 0.0045	0.0096	0.4642 2.1540
	Pankreas 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0085	0.0091	0.9302 1.0750
	T_Lymphom 0.0000	0.0149	0.0000 undef
25	Uterus 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0013		
	Penis 0.0054		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0111		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
40	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0036		
	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0185		
45	Placenta 0.0061		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
50	Brust 0.0000		
	Brust_t 0.0000		
	Dickdarm_t 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0203		
55	Endokrines_Gewebe 0.0245		
	Foetal 0.0029		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0513		
	Haut-Muskel 0.0000		
60	Hoden_n 0.0000		
	Hoden_t 0.0000		
	Lunge_n 0.0000		
	Lunge_t 0.0000		
	Nerven 0.0090		
65	Niere_t 0.0000		
	Ovar_Uterus 0.0090		
	Prostata_n 0.0061		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 165

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0000	0.0000	undef undef
	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0106	0.0028	3.7573 0.2662
	Dickdarm 0.0000	0.0028	0.0000 undef
10	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0095	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0012	0.0010	1.1605 0.8617
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0010	0.0137	0.0738 13.5431
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0068	0.0018	3.6835 0.2715
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0045	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0019	0.0013	1.4470 0.6911
	T_Lymphom 0.0076	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus 0.0030	0.0046	0.6426 1.5563
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0021	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000		
	Penis 0.0027		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	FOETUS %Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0139		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0039		
	Haut 0.0000		
40	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
45	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
50	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
	Brust_t 0.0000		
	Dickdarm_t 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
55	Eierstock_t 0.0051		
	Endokrines_Gewebe 0.0245		
	Foetal 0.0070		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
60	Haut-Muskel 0.0065		
	Hoden_n 0.0209		
	Hoden_t 0.0000		
	Lunge_n 0.0000		
	Lunge_t 0.0000		
	Nerven 0.0080		
65	Niere_t 0.0000		
	Ovar_Uterus 0.0090		
	Prostata_n 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0232		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 166

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Biase	0.0078	0.0023	3.3190	0.3013
	Brust	0.0202	0.0042	4.8009	0.2083
	Dickdarm	0.0000	0.0028	0.0000	undef
10	Duenndarm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0106	0.3018	3.3136
	Gehirn	0.0168	0.0020	8.4138	0.1189
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
	Herz	0.0132	0.0137	0.9599	1.0418
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0175	0.0148	1.1840	0.8446
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0134	0.0048	2.7855	0.3590
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0094	0.0039	2.4117	0.4146
25	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0080			
	Penis	0.0268			
	Samenblase	0.0211			
30	Sinnesorgane	0.0000			
			FOETUS %Haeufigkeit		
			Entwicklung	0.0000	
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
40	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaesse	0.0036			
	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
45	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0502			
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0231			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 167

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0000	0.0000	undef undef
	Blase 0.0078	0.0000	undef 0.0000
	Brust 0.0141	0.0000	undef 0.0000
	Dickdarm 0.0019	0.0000	undef 0.0000
10	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0030	0.0024	1.2443 0.8036
	Endokrines_Gewebe 0.0016	0.0035	0.4527 2.2091
	Gehirn 0.0017	0.0010	1.7408 0.5745
	Haut 0.0147	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0046	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0112	0.0275	0.4061 2.4624
	Hoden 0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0019	0.0074	0.2631 3.8007
	Magen-Speiseroehre 0.0072	0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett 0.0086	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0022	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	T_Lymphom 0.0025	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus 0.0044	0.0092	0.4819 2.0750
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0013		
	Penis 0.0080		
	Samenblase 0.0070		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
40	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0036		
	Lunge 0.0036		
	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
45	Placenta 0.0242		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
50	Brust 0.0000		
	Brust_t 0.0000		
	Dickdarm_t 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
55	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0191		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
60	Haut-Muskel 0.0065		
	Hoden_n 0.0000		
	Hoden_t 0.0000		
	Lunge_n 0.0000		
	Lunge_t 0.0000		
	Nerven 0.0000		
65	Niere_t 0.0000		
	Ovar_Uterus 0.0000		
	Prostata_n 0.0061		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 168

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Blase 0.0000	0.0023	0.0000 undef
	Brust 0.0132	0.0000	undef 0.0000
	Dickdarm 0.0057	0.0000	undef 0.0000
10	Duenndarm 0.0000	0.0107	0.0000 undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe 0.0016	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0006	0.0030	0.1934 5.1701
	Haut 0.0073	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0039	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0034	0.0037	0.9278 1.0778
	Niere 0.0045	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0047	0.0039	1.2059 0.8293
	T_Lymphom 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus 0.0044	0.0000	undef 0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0013		
	Penis 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
40	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
45	Placenta 0.0121		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
50	Brust 0.0000		
	Brust_t 0.0000		
	Dickdarm_t 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
55	Eierstock_t 0.0051		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0023		
	Gastrointestinal 0.0122		
	Haematopoetisch 0.0000		
60	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden_n 0.0000		
	Hoden_t 0.0000		
	Lunge_n 0.0000		
	Lunge_t 0.0000		
	Nerven 0.0000		
65	Niere_t 0.0000		
	Ovar_Uterus 0.0068		
	Prostata_n 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 169

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef undef
	Blase	0.0039	0.0023	1.6595 0.6026
	Brust	0.0106	0.0028	3.7573 0.2662
	Dickdarm	0.0096	0.0000	undef 0.0000
10	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0018	1.8107 0.5523
	Gehirn	0.0012	0.0030	0.3868 2.5851
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0046	0.0000	undef 0.0000
	Herz	0.0020	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0039	0.0000	undef 0.0000
20	Magen-Speiseroehe	0.0072	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0037	1.8555 0.5389
	Niere	0.0112	0.0048	2.3212 0.4308
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0009	0.0000	undef 0.0000
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus	0.0044	0.0046	0.9638 1.0375
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch	0.0013		
	Penis	0.0027		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0118		
			FOETUS	
			%Haeufigkeit	
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0028		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
40	Herz-Blutgefaesse	0.0036		
	Lunge	0.0036		
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0062		
	Placenta	0.0061		
45	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
			%Haeufigkeit	
50	Brust	0.0136		
	Brust_t	0.0000		
	Dickdarm_t	0.0000		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0000		
55	Endokrines_Gewebe	0.0490		
	Foetal	0.0197		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000		
60	Hoden_n	0.0000		
	Hoden_t	0.0000		
	Lunge_n	0.0000		
	Lunge_t	0.0000		
	Nerven	0.0020		
65	Niere_t	0.0000		
	Ovar_Uterus	0.0045		
	Prostata_n	0.0121		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 170

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Blase 0.0117	0.0141	0.8297 1.2052
	Brust 0.0194	0.0056	3.4442 0.2903
	Dickdarm 0.0357	0.0000	undef 0.0000
10	Duenndarm 0.0055	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0024	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe 0.0032	0.0018	1.8107 0.5523
	Gehirn 0.0069	0.0140	0.4974 2.0106
	Haut 0.0367	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0046	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0101	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0049	0.0055	0.8770 1.1402
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0103	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0134	0.0048	2.7855 0.3590
	Pankreas 0.0017	0.0055	0.2992 3.3427
	Prostata 0.0028	0.0013	2.1706 0.4607
	T_Lymphom 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0199	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0040		
	Penis 0.0000		
	Samenblase 0.0141		
30	Sinnesorgane 0.0118		
	FOETUS %Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0039		
	Haut 0.0000		
40	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0072		
	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0062		
45	Placenta 0.0121		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0251		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
50	Brust 0.0000		
	Brust_t 0.0000		
	Dickdarm_t 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0051		
55	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0065		
60	Hoden_n 0.0000		
	Hoden_t 0.0000		
	Lunge_n 0.0000		
	Lunge_t 0.0000		
	Nerven 0.0050		
65	Niere_t 0.0000		
	Ovar_Uterus 0.0023		
	Prostata_n 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 171

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0250	0.0000	undef 0.0000
	Blase 0.0546	0.0188	2.9041 0.3443
	Brust 0.0387	0.0056	6.8883 0.1452
	Dickdarm 0.0287	0.0000	undef 0.0000
10	Duenndarm 0.0302	0.0107	2.8342 0.3528
	Eierstock 0.0237	0.0024	9.9547 0.1005
	Endokrines_Gewebe 0.0112	0.0106	1.0563 0.9467
	Gehirn 0.0093	0.0060	1.5474 0.6463
	Haut 0.0220	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0046	0.0063	0.7324 1.3653
	Herz 0.0304	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0161	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0175	0.0092	1.8944 0.5279
	Magen-Speiseroehe 0.0145	0.0064	2.2671 0.4411
20	Muskel-Skelett 0.0188	0.0074	2.5514 0.3919
	Niere 0.0134	0.0048	2.7855 0.3590
	Pankreas 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0254	0.0221	1.1491 0.8702
	T_Lymphom 0.0025	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus 0.0414	0.0184	2.2490 0.4446
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000	0.0000	undef undef
30	Haematopoetisch 0.0160		
	Penis 0.0724		
	Samenblase 0.0352		
	Sinnesorgane 0.0118		
	FOETUS %Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0083		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0197		
	Haut 0.0000		
40	Hepatisch 0.0260		
	Herz-Blutgefaesse 0.0036		
	Lunge 0.0181		
	Nebenniere 0.0254		
	Niere 0.0309		
45	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
50	Brust 0.0952		
	Brust_t 0.0000		
	Dickdarm_t 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0101		
55	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0127		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
60	Hoden_n 0.0084		
	Hoden_t 0.0000		
	Lunge_n 0.0000		
	Lunge_t 0.0000		
	Nerven 0.0040		
65	Niere_t 0.0000		
	Ovar_Uterus 0.0203		
	Prostata_n 0.0243		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 172

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0000	0.0000	undef undef
	Blase 0.0039	0.0023	1.6595 0.6026
	Brust 0.0176	0.0042	4.1747 0.2395
	Dickdarm 0.0038	0.0028	1.3456 0.7432
10	Duenndarm 0.0137	0.0107	1.2883 0.7762
	Eierstock 0.0000	0.0048	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0006	0.0090	0.0645 15.5103
	Haut 0.0073	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0081	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0029	0.0037	0.7893 1.2669
	Magen-Speiseroehre 0.0072	0.0192	0.3778 2.6466
20	Muskel-Skelett 0.0154	0.0037	4.1750 0.2395
	Niere 0.0022	0.0048	0.4642 2.1540
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0132	0.0052	2.5323 0.3949
	T_Lymphom 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus 0.0030	0.0322	0.0918 10.8939
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000		
	Penis 0.0080		
	Samenblase 0.0141		
30	Sinnesorgane 0.0118		
	FOETUS %Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0028		
	Gehirn 0.0063		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
40	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0071		
	Lunge 0.0181		
	Nebenniere 0.0254		
	Niere 0.0000		
45	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
50	Brust 0.0068		
	Brust_t 0.0000		
	Dickdarm_t 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
55	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0012		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
60	Hoden_n 0.0000		
	Hoden_t 0.0000		
	Lunge_n 0.0095		
	Lunge_t 0.0000		
	Nerven 0.0020		
65	Niere_t 0.0000		
	Ovar_Uterus 0.0068		
	Prostata_n 0.0121		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 173

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Blase 0.0000	0.0047	0.0000 undef
	Brust 0.0053	0.0014	3.7573 0.2662
	Dickdarm 0.0000	0.0000	undef undef
10	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0089	0.0000	undef 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0089	0.0000 undef
	Gehirn 0.0006	0.0030	0.1934 5.1701
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0088	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0217	0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett 0.0034	0.0074	0.4639 2.1557
	Niere 0.0022	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0017	0.0055	0.2992 3.3427
	Prostata 0.0047	0.0039	1.2059 0.8293
	T_Lymphom 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0027		
	Penis 0.0054		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0111		
	Gehirn 0.0063		
	Haematopoetisch 0.0079		
	Haut 0.0000		
40	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0036		
	Nebenniere 0.0254		
	Niere 0.0124		
45	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0126		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
50	Brust 0.0204		
	Brust_t 0.0000		
	Dickdarm_t 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
55	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0203		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0097		
60	Hoden_n 0.0042		
	Hoden_t 0.0000		
	Lunge_n 0.0000		
	Lunge_t 0.0000		
	Nerven 0.0030		
65	Niere_t 0.0000		
	Ovar_Uterus 0.0090		
	Prostata_n 0.0061		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 174

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0100	0.0136	0.7358 1.3590
	Blase 0.0078	0.0070	1.1063 0.9039
	Brust 0.0114	0.0028	4.0704 0.2457
	Dickdarm 0.0077	0.0057	1.3456 0.7432
10	Duenndarm 0.0082	0.0213	0.3865 2.5875
	Eierstock 0.0000	0.0072	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe 0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0017	0.0090	0.1934 5.1701
	Haut 0.0073	0.0394	0.1862 5.3697
15	Hepatisch 0.0093	0.0063	1.4649 0.6826
	Herz 0.0010	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0107	0.0092	1.1577 0.8638
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0377	0.0037	10.2055 0.0980
	Niere 0.0000	0.0096	0.0000 undef
	Pankreas 0.0000	0.0110	0.0000 undef
	Prostata 0.0028	0.0026	1.0853 0.9214
	T_Lymphom 0.0051	0.0075	0.6762 1.4788
25	Uterus 0.0030	0.0046	0.6426 1.5563
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0164	0.0304	0.5410 1.8483
30	Haematopoetisch 0.0094		
	Penis 0.0027		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0118		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0028		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0039		
	Haut 0.0000		
40	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0062		
45	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
50	Brust 0.0000		
	Brust_t 0.0000		
	Dickdarm_t 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0152		
55	Endokrines_Gewebe 0.0735		
	Foetal 0.0151		
	Gastrointestinal 0.0366		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
60	Hoden_n 0.0000		
	Hoden_t 0.0000		
	Lunge_n 0.0000		
	Lunge_t 0.0000		
	Nerven 0.0010		
65	Niere_t 0.0000		
	Ovar_Uterus 0.0225		
	Prostata_n 0.0061		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 175

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Vernaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0000	0.0000	undef undef
	Blase 0.0312	0.0047	6.6380 0.1506
	Brust 0.0158	0.0056	2.8179 0.3549
	Dickdarm 0.0038	0.0000	undef 0.0000
10	Duenndarm 0.0082	0.0213	0.3865 2.5875
	Eierstock 0.0057	0.0024	2.4887 0.4018
	Endokrines_Gewebe 0.0177	0.1277	0.1383 7.2297
	Gehirn 0.0220	0.0100	2.2050 0.4535
	Haut 0.0073	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0244	0.0275	0.8861 1.1286
	Hoden 0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0078	0.0037	2.1049 0.4751
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0000	0.0145	0.0000 undef
	Pankreas 0.0000	0.0110	0.0000 undef
	Prostata 0.0075	0.0078	0.9647 1.0366
	T_Lymphom 0.0025	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus 0.0103	0.0046	2.2490 0.4446
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0013		
	Penis 0.0375		
	Samenblase 0.0141		
30	Sinnesorgane 0.0353		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0083
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0071
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0254
	Niere 0.0000
45	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0068
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0490
	Foetal 0.0035
	Gastrointestinal 0.0244
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden_n 0.0125
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0098
	Lunge_t 0.0000
	Nerven 0.0161
65	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0045
	Prostata_n 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 176

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom C.0025	0.0000	undef 0.0000
	Blase C.0078	0.0047	1.6595 0.6026
	Brust C.0202	0.0028	7.2014 0.1389
	Dickdarm C.0057	0.0142	0.4037 2.4773
10	Duenndarm C.0110	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock C.0030	0.0072	0.4148 2.4109
	Endokrines_Gewebe C.0064	0.0035	1.8107 0.5523
	Gehirn C.0058	0.0020	2.9013 0.3447
	Haut C.0147	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch C.00000	0.0063	0.0000 undef
	Herz C.0081	0.0000	undef 0.0000
	Hoden C.0040	0.0000	undef 0.0000
	Lunge C.0068	0.0055	1.2278 0.8144
	Magen-Speiseroehre C.00000	0.0064	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett C.0017	0.0037	0.4639 2.1557
	Niere C.0022	0.0048	0.4642 2.1540
	Pankreas C.00000	0.0000	undef undef
	Prostata C.0028	0.0026	1.0853 0.9214
	T_Lymphom C.0025	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus C.0030	0.0000	undef 0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen C.00000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch C.0027		
	Penis C.0054		
	Samenblase C.00000		
30	Sinnesorgane C.0235		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung C.00000
	Gastrointestinal C.0056
	Gehirn C.0063
	Haematopoetisch C.00000
	Haut C.00000
40	Hepatisch C.00000
	Herz-Blutgefaesse C.0036
	Lunge C.0072
	Nebenniere C.00000
	Niere C.00000
45	Placenta C.0061
	Prostata C.00000
	Sinnesorgane C.00000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust C.0068
	Brust_t C.00000
	Dickdarm_t C.00000
	Eierstock_n C.00000
55	Eierstock_t C.0101
	Endokrines_Gewebe C.00000
	Foetal C.0058
	Gastrointestinal C.00000
	Haematopoetisch C.00000
60	Haut-Muskel C.00000
	Hoden_n C.00000
	Hoden_t C.00000
	Lunge_n C.00000
	Lunge_t C.00000
	Nerven C.0020
65	Niere_t C.00000
	Ovar_Uterus C.0135
	Prostata_n C.0061
	Sinnesorgane C.0155
	Weisse_Blutkoerperchen C.00000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 177

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
5	B_Lymphom 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Blase 0.0000	0.0023	0.0000 undef
	Brust 0.0079	0.0014	5.6359 0.1774
	Dickdarm 0.0096	0.0000	undef 0.0000
10	Duenndarm 0.0000	0.0107	0.0000 undef
	Eierstock 0.0000	0.0024	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe 0.0016	0.0089	0.1811 5.5227
	Gehirn 0.0023	0.0050	0.4642 2.1542
	Haut 0.0073	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0127	0.0000 undef
	Herz 0.0030	0.0137	0.2215 4.5144
	Hoden 0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0019	0.0018	1.0524 0.9502
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0128	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0045	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0066	0.0026	2.5323 0.3949
	T_Lymphom 0.0025	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus 0.0015	0.0046	0.3213 3.1125
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0040		
	Penis 0.0080		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0083
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0062
45	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0068
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0041
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0097
60	Hoden_n 0.0000
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0098
	Lunge_t 0.0000
	Nerven 0.0040
65	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0090
	Prostata_n 0.0061
	Sinnesorgane 0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 178

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse		
				N/T	T/N	
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Blase	0.0078	0.0258	0.3017	3.3143	
	Brust	0.0070	0.0042	1.6699	0.5988	
	Dickdarm	0.0172	0.0114	1.5138	0.6606	
10	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Eierstock	0.0000	0.0167	0.0000	undef	
	Endokrines_Gewebe	0.0080	0.0018	4.5268	0.2209	
	Gehirn	0.0041	0.0080	0.5077	1.9696	
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000	
15	Hepatisch	0.0046	0.0190	0.2441	4.0959	
	Herz	0.0112	0.0137	0.8122	1.2312	
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Lunge	0.0214	0.0240	0.8905	1.1229	
20	Magen-Speiseroehre	0.0362	0.0192	1.8892	0.5293	
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0074	1.8555	0.5389	
	Niere	0.0000	0.0048	0.0000	undef	
	Pankreas	0.0116	0.0166	0.6980	1.4326	
	Prostata	0.0104	0.0182	0.5685	1.7591	
25	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
	Uterus	0.0044	0.0046	0.9638	1.0375	
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0055	0.0000	undef	0.0000	
30	Haematopoetisch	0.0053				
	Penis	0.0107				
	Samenblase	0.0000				
	Sinnesorgane	0.0235				
	 FOETUS %Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0000				
	Gastrointestinal	0.0111				
	Gehirn	0.0000				
	Haematopoetisch	0.0000				
	Haut	0.0000				
40	Hepatisch	0.0000				
	Herz-Blutgefaesse	0.0036				
	Lunge	0.0108				
	Nebenniere	0.0000				
	Niere	0.0062				
45	Placenta	0.0242				
	Prostata	0.0000				
	Sinnesorgane	0.0000				
	 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit					
50	Brust	0.0340				
	Brust_t	0.0000				
	Dickdarm_t	0.0000				
	Eierstock_n	0.0000				
55	Eierstock_t	0.0101				
	Endokrines_Gewebe	0.0000				
	Foetal	0.0081				
	Gastrointestinal	0.0366				
	Haematopoetisch	0.0000				
60	Haut-Muskel	0.0194				
	Hoden_n	0.0000				
	Hoden_t	0.0000				
	Lunge_n	0.0293				
	Lunge_t	0.0000				
65	Nerven	0.0030				
	Niere_t	0.0000				
	Ovar_Uterus	0.0045				
	Prostata_n	0.0061				
	Sinnesorgane	0.0000				
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				

2.2 Fisher-Test

5

- Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches
10 Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.
Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende
15 Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

20

Beispiel 3

25 Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

- 30 1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
 2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
 - 35 3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen
- 40 Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese
45 Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).
- 50 Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz

eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen 5 Nukleinsäure-Sequenzen aus Brustgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen 10 Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid--Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

15

Beispiel 4

20

Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, 25 Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer 30 Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert (http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview" -Programms der Genome Database (GDB), 35 (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt. Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap 40 between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sonder ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der 45 Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).

Beispiel 5: Gewinnung von genomischen DNA-Sequenzen (BAC-Klonen)

5

Die den differentiellen cDNAs entsprechenden genomischen Sequenzen wurden aus kommerziellen BAC-Bibliotheken isoliert. Verwendet wurden BAC-Bibliotheken von der Firma Genome Systems, St. Louis MO, die aus humanen Lymphozyten hergestellt wurden (<http://www.genomesystems.com>) und solche der Firma Research Genetics, die wie folgt beschrieben wurden: Shizuya, H., B. Birren, U-J. Kim, V. Mancino, T. Slepak, Y. Tachiiri, M. Simon (1992) Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89: 8794-8797; <http://www.tree.caltech.edu/>. Aus diesen Bibliotheken wurden die BAC-Klone mit der Prozedur des "down-to-the-well" isoliert. Bei diesem Verfahren wird eine Bibliothek bestehend aus BAC-Klonen (die Bibliothek überdeckt ca. 3 x das humane Genom) in verschiedene Gruppen (pools) kombiniert. Dies geschieht in einer solchen Weise, daß nach der Durchführung einer genspezifischen PCR in den verschiedenen Pools eine eindeutige Klon-Zuordnung möglich ist. Diese Adresse zusammen mit dem Namen der verwendeten Bibliothek legen die Klone und damit die DNA-Sequenz dieser Klonen eindeutig fest.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die erfolgreiche Isolierung der genomischen BAC-Klone ohne diese darauf zu beschränken.

Die verwendete Bibliotheken von Genome Systems waren CITB B und CITB C.
25 Klone aus der Bibliothek von Research Genetics sind unterstrichen.

Brust Normal

30

Seq. ID Nr.	Identifizierte BACs			
4	174/F/16			
12	388/D/5	393/M/24	494/B/3	502/B/23
13	<u>203/A/1</u>	<u>233/B/22</u>	<u>392/L/10</u>	<u>311/J/7</u>
15	<u>248/C/14</u>	<u>266/E/16</u>	<u>528/D/3</u>	<u>266/E/17</u> <u>506/P/12</u>
19	113/G/13	191/B/19	202/O/3	250/O/19
21	137/H/19	231/I/10		
22	165/N/5	208/D/7		
26	6/L/15	11/I/17	117/E/15	
28	<u>501/L/21</u>	<u>367/D/6</u>		
31	<u>369/H/21</u>	<u>429/I/13</u>		
34	108/M/13			
37	289/C/11			
42	59/A/20			
43	<u>325/J/11</u>	<u>448/O/2</u>	<u>563/F/18</u>	
57	4/G/9			
58	229/O/21	233/F/12		
59	97/P/23	109/A/1	125/H/9	

60	<u>503/P/21</u>	
61	3/P/21	188/B/9
63	176/A/22	
69	425/E/10	
71	178/I/19	242/B/6 242/B/11

TABELLE I

Ifd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)
1	im normalen Brustgewebe erhöht	Ein neuer humarer Prä-mRNA Spleiß-Faktor, der zur einer Genfamilie mit TPR (Tetratricopeptid repeats)-Motiv gehört.	"TPR"- Region	unbekannt	unbekannt	205
2	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		3q29	zwischen D3S1265 und D3S1311	248
3	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane Homolog des Perilipin A aus Ratte.		15q26.1-qter	SHGC-6068; zwischen WI-7918 und SHGC-14718	247
4	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		Xq24	SHGC-14021 alias DXS9764	256
5	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		15q26.1-qter	D15S120-15qter	731
10	im normalen Brustgewebe erhöht	Ein humanes Ortholog des fsp-27 (Fett- spezifisches Protein 27) der Maus.		3p24.3-p25.1	zwischen D3S1597 und D3S1263	237
11	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		17q22-q23.2	SHGC-32689; zwischen D17S787 und D17S792	239
12	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		2q34	SHGC-3316; zwischen D2S315 und D2S2237	1062
						1471

IId. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)
13	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane LOT1 (Lost On Transformation 1).	"ZINC_FIN GER_C2H 2_2"- Domäne	6q23.3-q24.3	zwischen D6S308 und D6S978	214	2738
14	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane SGN3 (die Unterseinheit 3 eines JAB1 enthaltenden Signalosoms).	"PGI_DOM AIN"	17p12-q11.2	sts-W80395; zwischen D17S922 und D17S798	225	1710
15	im normalen Brustgewebe erhöht	Ein neues Zinkfinger-Protein des LIM-Typs.	"LIM"- Domäne	4p14	SHGC4-435; zwischen SHGC4- 259 und SHGC- 33782	228	3159
16	im normalen Brustgewebe erhöht	Der humane nukleärer Faktor I-B2 (NFIB2).		unbekannt	unbekannt	249	1680
18	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane Dermatopontin		1q12-q23	unbekannt	188	1722
19	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		1p22.1-p22.2	SHGC-34523	287	1612
21	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		11q14.1	SHGC-32865; zwischen SHGC- 3911 und SHGC- 36303	248	1304

Ifd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomal Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)
22	im normalen Brustgewebe erhöht	Diese Sequenz ist verwandt mit der schweren Kette H3 des humanen Inter-alpha-Trypsin Inhibitors. Dieser spielt möglicherweise eine Rolle bei der Stabilisierung der extrazellulären Matrix.		10p15.1-p15.3	SHGC-16603; zwischen SHGC- 16603 und SHGC- 33903	288	1533
23	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		11q14.2-q14.3	zwischen D11S1354 und D11S931	204	1304
24	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		10p15.1-p15.3	zwischen D10S591 und D10S189	291	2403
25	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		2q35	AFM249wg9; zwischen CHLC.GATA29E02 und WI-7744	286	2517
26	im normalen Brustgewebe erhöht	Die pi-Untereinheit des humanen GABA-A Rezeptors.	"neur_cha n"-Domäne	5q34	AFM304xd5; zwischen AFM080xh11 und SHGC-5539	268	1668
28	im normalen Brustgewebe erhöht	Diese Sequenz ist möglicherweise das Ortholog des Neuralen Membran Protein 35 (NMP35) der Ratte.	"UPF0005"- Domäne	2q35	SHGC-35278; zwischen D2S164 und D2S163	244	1768

Ifd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomal Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)
29	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane β -Spectrin.	"PH"- Domäne und "Spectrin"- Domäne	2p16.1-16.3	zwischen D2S123 und D2S378	247	3479
30	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		7p21.2-p21.3	SHGC-35668; zwischen D7S714 und D7S2564	88	933
31	im normalen Brustgewebe erhöht	Diese Sequenz stellt wahrscheinlich das humane Ortholog des "SRD-2" mutant sterol regulatory element binding protein-2 (SREBP-2) des Hamsters dar.	"LIM"- Domäne	12p11.21- q13.11	zwischen D12S1648 und D12S1620	269	2783
32	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane Protein Kinase A Anker-Protein; es bindet die regulatorische Untereinheit (RII) der Protein-Kinase A.	"KH"- Domäne und "TUDOR"- Domäne	17q22	zwischen D17S790 und D17S794	265	3411
33	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane Mi-2 Autoantigen, es handelt sich hierbei vermutlich um eine Helicase, die die Transkription aktiviert.		12p12.3-p13.33	zwischen D12S93 und D12S77	244	1393
34	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		10q25.1	SHGC-14061; zwischen ATC3 und AFMa273ye1	258	1236
35	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane "Obesse protein" (ob).		7q31.3	zwischen D7S686 und D7S530	237	749

I fd. Nr.	Expression	Funktion	Modul	Chromosomal Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)
36	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane Duffy-Antigen (DARC- Gen).		1q22	zwischen D1S484 und D1S426	271	1251
37	im normalen Brustgewebe erhöht	Dieses Protein hat eine ca. 50%ige Aminosäure- Identität zu S3-12, einem Plasma Membran- assoziiertem Protein, das während der Fettzellen- Differenzierung exprimiert wird.		unbekannt	unbekannt	199	3283
38	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane Semaphorin E; es vermittelt möglicherweise zelluläre Resistenz gegen cis- Platinum (CDDP), einer in der Chemotherapie häufig verwendeten Substanz.		7q11.23-q21.13	stSG30323; zwischen D7S660 und D7S524	240	2720
39	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane alpha-B-Crystallin-Gen, "crystallin"- ursprüngl. als linsen-spezifisches Gen kloniert, scheint im Endometrium durch Progesteron und "HSP20"- Östrogen reguliert zu werden. Die Expression korreliert mit der Nicht- proliferativen Phase des Menstruationszyklus.		11q23.1-q23.2	zwischen D11S1893 und D11S938	247	1036
40	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane extrazelluläres Protein S1-5.	"EGF_CA"- Domäne	2p11.1-12	zwischen D2S2371 und D2S388	265	2659
41	im normalen Brustgewebe erhöht	Die humane Lipoprotein-Lipase.	"Lipase"- Domäne	8p22-p23.1	zwischen D8S261 und D8S258	252	2939

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomal Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)
42	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane sFRP ("secreted frizzled-related protein") spielt eine Rolle beim programmierten Zelltod (Apoptosis).		8p11.21-p12	zwischen D8S1791 und D8S268	404	3670
43	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		10q23.32-q25.1	Wi-14063	259	1025
45	im normalen Brustgewebe erhöht	Diese Sequenz ist wahrscheinlich das humane Ortholog eines Fettzellen- spezifischen Gens der Maus.		unbekannt	unbekannt	328	538
47	im normalen Brustgewebe erhöht	Die humane Plazenta "copper monamine oxidase".		17q12	SHGC-3147	256	360
48	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	"HSP20"- Domäne	1p36.13-p36.23	zwischen D1S434 und D1S507	157	2192
49	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane "ras-like protein".	"ras"- Domäne	2p16.3-p21	zwischen D2S391 und D2S123	305	2952
50	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		7p12.1-p12.3	zwischen D7S506 und D7S659	188	615
51	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		11q12.1-q13.1	SHGC-35409; Wi- 7266 - D11S2006	290	1488
53	im normalen Brustgewebe erhöht	Das YAP (Yes-associated protein); es bindet an SH3-Domänen.		11q21.1-q22.3	D11S1339	289	2262

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomal Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)
54	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane B4-2 Protein.		6q16.2	SHGC-31472	306	1301
56	im normalen Brustgewebe erhöht	Die humane "Lange Ketten Acyl-CoA Synthetase".		4q33-q35.2	zwischen D4S408 und D4S426	269	1265
57	im normalen Brustgewebe erhöht	Das "Prepro-Melanin-konzentrierende Hormon (prepro-melanin-concentrating hormone)".		12q22	AFM263ZD1; zwischen SHGC- 15767 und SHGC- 9350	247	274
58	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		2q22.3-2q23.2	SHGC-36777	270	2073
59	im normalen Brustgewebe erhöht	Ein mögliches neues Mitglied der humanen tob- Genfamilie.		21q11.1-q21.1	SHGC-11705; zwischen D21S1886 und D21S1256	205	850
60	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		1q22	SHGC-36663; zwischen SGC32839 und D1S1576	229	2091
61	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane Ortholog zum Kryt-Gen "SH3"- Domäne der Maus.		4q31.3	SHGC-31182	225	2952
62	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		11p15.3	AFM166zel; zwischen SHGC- 5993 und SHGC- 13819	223	2313

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)
63	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		2q24.1-q24.3	SHGC-1305; zwischen CHLC.GATA22H09 und WI-7620	192	1650
64	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane Ortholog zur UMP-CMP Kinase des Schweins.	"Adenylyate -kinase"	1p32.3-p36.12	SHGC-366697; zwischen D1S2843 und D1S417	223	2851
65	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		4p15.1	Wi-15951; zwischen D4S1043 und SHGC-16179	221	1071
66	im normalen Brustgewebe erhöht	Die humane cAMP Phosphodiesterase.	"PDEase"	8q13.1	CHLC.GATA86D08; zwischen SHGC- 9281 und AFMa084wc5	199	2375
67	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane Antigen CD 36.	"CD36"- Domäne	7q11.23	sVSS1455	221	1823
68	im normalen Brustgewebe erhöht	Vermutlich ein humanes Ortholog des Hefe S. pombe sad1+ Gens.		7p22.3	SHGC-34866; zwischen SHGC- 10715 und SHGC- 32510	248	2403
69	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		5p15.33	zwischen D5S477 und D5S426	230	1246
71	im normalen Brustgewebe erhöht	Ein neues humanes Protein, das eine SH3- Domäne enthält. Diese Proteine sind Mediatoren der interzellulären Zellkommunikation.		8p21.3	SHGC-30970	263	1950

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomal Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)
72	im normalen Brustgewebe erhöht	Ein neues humanes Gen, das möglicherweise einen Transkriptionsfaktor darstellt; auf Nukleinsäure-Ebene besteht eine gewisse Sequenzidentität zu dem DNA-bindenden Protein CROC-1A.		7q21.11-q22.1	R06442; zwischen D7S524 und D7S657	240	814
74	im normalen Brustgewebe erhöht	Vermutlich das humane Ortholog des Maus Sox- 18. Die Sox-Proteine stellen eine wichtige Gruppe von Transkriptionsfaktoren dar, die Entwicklungsprozesse steuern. Sox-Gene weisen eine sog. HMG-Box ("high mobility group") auf. Maus-Sox 18 ist verwandt mit Sry ("testis-determining factor") des Menschen.		unbekannt	unbekannt	264	747
76	im normalen Brustgewebe erhöht			17p13.3-q25.3	AFM163y91	296	2419

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomal Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge der angemeldeten Seqenz (bp)
161	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.1	"RGS"-Domäne; "ATP-synt_B"- Domäne; "TPR_Region TPR repeat"; "NLS_BP" Bipartite nuclear localization signal"	unbekannt	unbekannt	205	3096
162	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.4	"CNH"-Domäne; "NLS_BP" Bipartite nuclear localization signal"	Xq24	SHGC-14021 alias DXS9764	256	1987
163	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.10		3p24.3-p25.1	zwischen D3S1597 und D3S1263	310	1107
164	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.11	"TK"-Domäne	17q22-q23.2	SHGC-32689; zwischen D17S787 und D17S792	239	1062
165	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.12	"Polyoma coat2"-Domäne	2q34	SHGC-3316; zwischen D2S315 und D2S237	241	2770

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)
166	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.15	LIM; Ran_BP1; NLS_BP Bipartite nuclear localization signal	4p14	SHGC4-435; zwischen SHGC4- 259 und SHGC- 33782	228	4242
167	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.19	"UPF0024": Domäne	1p22.1-p22.2	SHGC-34523	287	2640
168	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.22		10p15.1-p15.3	SHGC-16603; zwischen SHGC- 16603 und SHGC- 33903	288	1558
169	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.23		11q14.2-q14.3	zwischen D11S1354 und D11S931	204	1388
170	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.24	"ribonuclease_T 2"-Domäne	10p15.1-p15.3	zwischen D10S591 und D10S189	291	2416
171	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.25	"TK"-Domäne	2q35	AFM249wg9; zwischen CHLC.GATA29E02 und WI-7744	286	2720
172	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.38	"Ig"-Domäne	7q11.23-q21.13	STSG30323; zwischen D7S660 und D7S524	240	2987
173	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.50		7p12.1-p12.3	zwischen D7S506 und D7S659	188	892

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomal Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)
174	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.51	"NLS_BP Bipartite nuclear localization signal"	11q12.1-q13.1	SHGC-35409; zwischen WI-7266 und D11S2006	290	1679
175	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.60	"NLS_BP Bipartite nuclear localization signal"	1q22	SHGC-36663; zwischen SGC32839 und D1S1576	229	2411
176	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.61	"SH3"-Domäne; "L-6"-Domäne; "toxin_2"- Domäne	4q31.3	SHGC-31182	225	3450
177	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.72		7q21.11-q22.1	R06442; zwischen D7S524 und D7S657	240	874
178	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	"PH"-Domäne	9q34.11-q34.12	stSG3880; zwischen D9S1821 und D9S159	242	3265

TABELLE II

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
1	77
2	78
	79
	80
	81
3	82
4	83
5	84
10	85
11	87
12	88
13	89
14	90
15	91
18	92
19	93
21	95
22	96
23	97
24	98
	99
25	100
	101
	102
	103
28	104

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No
30	105
	106
	107
31	108
34	112
37	113
42	114
43	115
	116
	117
45	119
48	122
50	124
	125
51	126
53	128
54	129
57	131
58	132
	133
59	135
60	137
61	138
62	139
	140
	141
63	142
	143
	144
	145
64	146
65	147
68	148
69	149
	150
71	151
72	152
	153
	154
	155
	156
74	157
76	158
	159
	160

DNA-Sequenzen**Seq. ID. No.**

161

162

163

164

165

166

167

168

169

170

171

172

173

174

175

176

177

178

Peptid-Sequenzen**Seq. ID. No**

179

180

181

182

183

184

185

186

187

188

189

190

191

192

193

194

195

196

197

198

199

200

201

202

203

204

205

206

207

208

209

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 und Seq. ID No. 179 bis Seq. ID No. 209 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

Sequenzprotokoll

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

(i) ANMELDER:

- (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
- (B) STRASSE: Ihnestrasse 63
- (C) STADT: Berlin
- (E) LAND: Deutschland
- (F) POST CODE (ZIP): D-14195
- (G) TELEFON: (030)-8413 1672
- (H) TELEFAX: (030)-8413 1671

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Brustgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 183

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2031 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

ATTGCATCAG CCCGCCTGGA AGAACGTCAC GGGAAAGCTAC AAGTAGCTCG GAACCTTATC 50
 ATGAGGGGGA CGGAGATGTG CCCCCAAGAGT GAAGATGTCT GGCTGGAAGC AGCCAGGTTG 120
 CAGCCTGGGG ACACAGCCAA GGCGTGGTA GCCCAAGCTG TCCGTCATCT CCCACAGTCT 180
 GTCAGGATT ACATCAGAGC CGCAGAGCTG GAAACGGACA TTCTGTGAAA GAAGCGGGTT 240
 CTTCGGAAAG CCCTCGAGCA TGTTCCAAAC TCGGTTCGCT TGTGGAAAGC AGCCGTTGAG 300
 CTGGAAGAAC CTGAAGATGC TAGAATCATG CTGAGCCGAG CTGTGGAGTG CTGCCACC 360
 AGCGTGGAGC TCTGGCTTG TCTGGCAAGG CTGGAGACCT ATGAAAATGC CCGCAAGGTC 420
 TTGAACAAGG CGCGGGAGAA CATTCCCTACA GACCGACATA TCTGGATCAC GGCTGCTAAG 480
 CTGGAGGAAG CCAATGGAA CACCGAGATG GTGGAGAAGA TCATCGACCG AGCCATCACC 540
 TCGCTGCGGG CCAACGGTGT GGAGATCAAC CGTGAGCAGT GGATCCAGGA TGCCGAGGAA 600
 TGTGACAGGG CTGGGAGTGT GGCCACCTGC CAGGCCGTCA TGCGTGCCTG GATTGGGATT 660
 GGGATTGAGG AGGAAGATCG GAAGCATACC TGGATGGAGG ATGCTGACAG TTGTGTAGCC 720
 CACAATGCC TGGAGTGTGC ACGAGCCATC TACGCCCTACG CCCTGCAGGT GTTCCCCAGC 780
 AAGAAAGAGTG TGTGGCTCG CGCCCGTAC TTCGAGAAGA ACCATGGCAC TCGGGAGTCC 840
 CTGGAAGCAC TCCTGCAGAG GGCTGTGGCC CACTGCCCA AAGCAGAGGT GCTGTGGCTC 900
 ATGGGCGCCA AGTCCAAGTG GCTGGCAGGG GATGTGCCTG CAGCAAGGAG CATCCTGGCC 960
 CTGGCTTCC AGGCCAACCCC CAACAGTGAG GAGATCTGGC TGGCAGCCGT GAAGCTGGAG 1020
 TCCGAGAATG ATGAGTACGA GCGGGCCCCGG AGGCTGCTGG CCAAGGCGCG GACAGTGGCCC 1080
 CCACCGCCCCG GGTGTTCATG AAGTCTGTGA AGCTGGAGTG GGTGCAAGAC AACATCAGGG 1140
 CAGCCCAAGA TCTGTGCGAG GAGGCCCTGC GGCACTATGA GGACTTCCCC AAGCTGTGGA 1200
 TGATGAAGGG GCAGATCGAG GAGCAGAAGG AGATGATGGA GAAGGGCCGG GAAGCCTATA 1260
 ACCAGGGTT GAAGAAAGTGT CCCCCACTCCA CACCCCTGTG GCTTTGCTC TCTCGGCTGG 1320
 AGGAGAAGAT TGGGCAGCTT ACTCGAGCAC GGGCCATTT GGAAAAGTCT CGTCTGAAGA 1380
 ACCCAAAGAA CCCTGGGCTG TGGTTGGAGT CGTGCGGCT GGAGTACCGT GCGGGGCTGA 1440
 AGAACATCGC AAATACACTC ATGGCCAAGG CGCTGCAGGA GTGCCCAAC TCCGGTATCC 1500
 TGTGGTCTGA GGCCATCTTC CTGGAGGCAA GGCCCCAGAG GAGGACCAAG AGCGTGGATG 1560
 CCCTGAAGAA GTGTGAGCAT GACCCCCATG TGCTCCTGGC CGTGGCCAAG CTGTTTGGG 1620
 GTCAGCGGAA GATCACCAAG GCCAGGGAGT GGTTCCACCG CACTGTGAAG ATTGACTCGG 1680
 ACCTGGGGGA TGCCTGGGCC TTCTTCTACA AGTTGAGCT GCAGCATGGC ACTGAGGAGC 1740
 AGCAGGAGGA GGTGAGGAAG CGCTGTGAGA GTGCAGAGCC TCGGCATGGG GAGCTGTGGT 1800
 GCGCCGTGTC CAAGGACATC GCCAACTGGC AGAAGAAGAT CGGGGACATC CTTAGGCTGG 1860
 TGGCCGGCCG CATCAAGAAC ACCTTCTGAT TGAGCGGTTG CCATGGCCGG TCTCCGTGGG 1920
 GCAGGGTTGG GCCGCATGTG GAAGGGCTCT GAGCTGTGTC CTCCCTCATT AAAAGTTTT 1980
 ATGTCTCGTG TCAGAAAAAA AAAGAAAAGA AAAAAGGGGG CGCCCGGGGG C 2031

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1081 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2

```

AAGACCCCGT CTCTACAAAG CAAAACGAAA AACAAACAAT GGAGTTGTGC TATGTTGTAT 60
TGCTTTGCAC AAAATTAGGA ACAGGTGTT GACAATTGAA TTTGTTTCT GTGAATTCTA 120
ACCTCTAAAG GCATGCTTAG AGGTCAAGGA CCTTCCTGTG TAGTTGGTGC AAAAGCAATC 180
TCCACAGGAC AGCACTGCTT CCATGCTTC ACATCAGGA AATGAGGCCA GAACTTGAGT 240
ATTTACTAAC ACGTTTTCA AAAGATGTCA GTGTTATAACC TAAAGCTAAA AAAAGCAAG 300
GGTTTGTAT AGAGGGAAACC TCTAAATAAT TTCAGGGGT AGGGAGATGT TGTCATAGG 360
AAATGGGATA AAATATCAAG AGACAATGAA AACACTGCCT TGACATGAGG ACCAGCAAGT 420
TTATTCTTT CATTTCAGT GATGTTGGGA ATGGACTGGG TTTTAAAGG GAGCTTGAAG 480
AGGGAATGTT TGACAGTCAC AGAAGGTTCC TGCAAGCAGAT GCCTCTTTA GCCATTTCTC 540
ATTTTTTCC TCAAATTTA CCTACTGAGG CTCAAGCCTT CACAGTGAGC TGATGGTCTC 600
TACAGGGGAG GGGAGTCTAG GGAATTATT TGTTATTGT AAGGCAAGAG GTGATTCTC 660
TCTAATATAT CTGAGTTATT GCTCATTAA AACTGTTAAG TCCAGTATAA TTTTCCCTGA 720
TATGAAAAAA TGTGCATTAA TTTCACTTAG CAACAAAGTA CCTTCTAATT TCCAATAGTC 780
CGTGAAGATT GGGGCTGAAG TACCTAAGTG TGAATGTCTC TCCCCTTAAA CTGAGTGTAG 840
AAATCTGAAT TTTTAAAGA GCTGTAACTA GTTGTAAAGTG CTTAGGAAGA AACTTGCAA 900
ACATTTAATG AGGATACACT GTTCATTAA AAAATTCCCT CACACTGTAA TTAAATGTGT 960
TTTATATTCT TTTGTAGTAA AACACATAA CTCAGATTTC TACAGGAGAC AGTGGTTTA 1020
TTTGGATTGT CTTCTGTAAT AGGTTCAAT AAAGCTGGAT GAACCTAAAAA AAAAAAAAAA 1080
A 1081

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1318 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3

GCCAAAGCGC AGGGTCAGCG ACACCTCTTC CGGCCAACG CCGTGCATGG AGCCCACATCCT 60
 GGGCCGCACG CATTACAGCC AGCTGGCAA GAAGAGCTGA GTGCCGCAC CAGEGCCGC 120
 GCCCCGGGCC GGCGGGTTTC TCTAACAAAT AAACAGAACCG CGCACTGCC AGGGAGCGT 180
 TGCCACTTTC AAAGTGGTCC CCTGGGGAGC TCAGCCTCAT CCTGATGATG CTGCCAAGGC 240
 GCACCTTTA TTTTATTATT ATTATTATT TTTTTTAGC ATCCCTTTGG GGCTTCACTC 300
 TCAGAGCCAG TTTTAAGGG ACACCAGAGC CGCAGCCTGC TCTGATTCTA TGGCTTGTT 360
 GTTACTATAA GAGTAATTGC CTAACCTGAT TTTTCATCTC TTTAACCAAA CTTGTGGCCA 420
 AAAGATATTG GACCGTTCC AAAATTCAAGA TTCTGCCTCT GCGGATAAAAT ATTTGCCACG 480
 AATGAGTAAC TCCTGTCAAC ACTCTGAAGG TCCAGACAGA AGGTTTTGAC ACATTCTTAG 540
 CACTGAACTC CTCTGTGATC TAGGATGATC TGTTCCCCCT CTGATGAACA TCCTCTGATG 600
 ATCTAGGCTC CCAGCAGGCT ACTTTGAAGG GAACAATCAG ATGCAAAAGC TCTTGGGTGT 660
 TTATTTAAAA TACTAGTGTGACCTTCTGAG TACCCGCCGC TTCACAGGCT GAGTCCAGGC 720
 CTGTGTGCTT TGTAGAGCCA GCTGCTTGCT CACAGCCACA TTTCCATTG CATCATTACT 780
 GCCTTCACCT GCATAGTCAC TCTTTGATG CTGGGAAACC AAAATGGTGA TGATATATAG 840
 ACTTTATGTA TAGCCACAGT TCATCCCCAA CCCTAGTCTT CGAAATGTTA ATATTGATA 900
 AATCTAGAAA ATGCATTCAAT ACAATTACAG AATTCAAATA TTGCAAAAGG ATGTGTGTCT 960
 TTCTCCCCGA GCTCCCCTGT TCCCCTTCAT TGAAAACCAC CACGGTGCCA TCTCTGTGT 1020
 ATGCAGGGCT ATGCACCTGC AGGCACGTGT GTATGCACTC CCCGCTGTG TTTACACAAG 1080
 CTGTGGGTG TTACGCATGC CTGCTTTTT CACTTAATAA TACAGCTTGG AGAGATTTT 1140
 GTATCACATT ATAATCCCA CTCGCTCTT TTGATGGCCA CATAATAACT ACTGCATAAT 1200
 ATGGATAACGC CTTATTTGAT TTAACTAGTT CCCTAATGAT GGACTTTAA GTTGTTCCT 1260
 TTTTTTTCT TTTTGCTAC TGCAACAGAT GCTATAATAA ATGTCCTTAT CAAAAATG 1318

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 731 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4

CTTGGGACAA GACTCTCACCA AGCACATCAC ACACGTTCTC CTTGGAAGAG AGAACAGTA 60
 CATCCCGGTT GAGAGGTCAAAAGCATTAG TGGAAGAAAT GTGGTAAAGG GGGGAAGGTG 120
 TTATGCGGCT GCTCCCTCCG TCCCAGAGGT GGCAAGTGATT CCATAATGTG GAGACTAGTA 180
 ACTAGATCCT AAGGCAAAGA GGTGTTCTC CTTCTGGATG ATTCACTCCA AAGCCTTCCC 240
 ACCCAGGTGT TCTCTGAAAG CTTAGCCTTA AGAGAACACG CAGAGAGTTT CCCTAGATAT 300
 ACTCCTGCCT CCAGGTGCTG GGACACACCT TTGCAAAATG CTGTTGGAAG CAGGAGCTGG 360
 GGAGCTGTGT TAAGTCAGAAG TAGAAACCCCT CCAGTGTGTTG GTGTTGTGTA GAGAATAGGA 420
 CATAGGGTAA AGAGGCCAAG CTGCCTGTAG TTAGTAGAGA AGAATGGATG TGGTTCTTCT 480
 TGTGTATTTA TTTGTATCAT AAACACTTGG AACAAACAAAG ACCATAAGCA TCATTTAGCA 540
 GTTGTAGCCA TTTCTAGTT AACTCATGTA AACAAAGTAAG AGTAACATAA CAGTATTACC 600
 CTTCACTGT TCTCACAGGA CATGTACCTA ATTATGGTAC TTATTTATGT AGTCACTGTA 660
 TTTCTGGATT TTTAAATTAA TAAAAAAAGTT AATTTGAAA AATCAAAAAA AAAAGAAAGG 720
 AAGTAAAAGG A 731

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2719 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

GGAGACCAGG CCCACAGAGA ACAGGGCAAG GAGCAGGCCA TGGTTGATAA GAAGGTGCAG 60
 CTCCAGAGAA TGGTAGACCA AAGGTGGTG ATTTCAAGATG AAAAGAAAGT TGCCCTCCTC 120
 TATCTAGACA ATGAGGAGGA GGAGAAATGAT GGGCATTGGT TTTAATAAGC AGAAACATT 180
 TGTTTAATG GCAGCCTGTT GGCAGCTGC CAACATCCA AGGCCTAAC TTATTTAAG 240
 AGGCCGAGGG AGTCTATGAA AATCTCCCCT TTTTACTTT TTTAAAGAGT ACTCCCAGCA 300
 TGGTCAATT TCTTTATAGT TAATCCGAA AGGTTTCCAG TTAATTCACTG CCTTAAAAGG 360
 CACTGCAATT TTATTTTGA GTTGGGACTT TTACAAAACA CTTTTTCCC TGGAGTCTC 420
 TCTCCACTTC TGGAGATGAA TTCTATGTT TTGCACTGG TCACAGACAT GGCTTGCATC 480
 TGTTGAAAC TACAATTAAAT TATAGATGTC AAAACATTAAC CCAGATTAAA GTAATATATT 540
 TAAGAGTAAAT TTTGCTTGC ATGTGCTAAT ATGAAATAAC AGACTAACAT TTTAGGGGAA 600
 AAATAAAATAC AATTTAGACT CTAAAAAGTC TTTCAAAAAA GAAATGGGAA ATAGGCAGAC 660
 TGTTATGTT AAAAAAATTC TTGCTAAATG ATTTCACTTT TAGGAAAAAA TTACTTGCCA 720
 TATAGAGCTA AATTCACTTT AAGACTTGAA TGAATTGCTT TCTATGTACA GAACTTAAA 780
 CAATATAGTA TTTATGGCGA GGACAGCTGT AGTCTGTTGT GATATTCAC ATTCTATTG 840

CACAGGTTCC	CTGGCACTGG	TAGGGTAGAT	GATTATTGGG	AATCGCTTAC	AGTACCATT	900
CATTTTTGG	CACTAGGTCA	TTAAGTAGCA	CACAGTCGA	ATGCCCTTT	CTGGAGTGGC	960
CAGTCCTAT	CAGACTGTGC	AGACTTGCGC	TTCTCTGCAC	CTTATCCCT	AGCACCCAAA	1020
CATTAAATT	CACTGGGGG	AGGTAGACCT	TGAAGACAAT	GAAGAGAATG	CCGATACTCA	1080
GACTGCAGCT	GGACCGCAA	GCTGGCTGTG	TACAGGAAAA	TTGGAAGCAC	ACAGTGGACT	1140
GTGCCTCTTA	AAGATGCCCT	TCCCCAACCT	CCATTATGG	GATGCAGGTC	TTTCTGAGCT	1200
CAAGGGTGA	AGATGAATAC	AATAACAACC	ATGAACCCAC	CTCACGGAAG	CTTTTTTGC	1260
ACTTGAACA	GAAGTCATTG	CAGTTGGGT	GTTTGTCCA	GGGAAACAGT	TTATTAATA	1320
GAAGGATGTT	TGCCCCAAGG	AACTGGATAT	CTCTCTGCA	GCCCAGCACC	GAGATAACCA	1380
GGACGGGCCT	GGGGGGCGAG	AAAGGCCCCC	ATGCTCATGG	GCCCGGGAGT	GTGGACCTGT	1440
AGATAGGCAC	CACCGAGTTT	AAGATACTGG	GATGAGCATG	CTTCATTGGA	TTCATTTAT	1500
TTTACACGTC	AGTATTGTTT	TAAAGTTCT	GTCTGTAAAG	TGTAGCATCA	TATATAAAA	1560
GAGTTTCGCT	AGCAGCGCAT	TTTTTTAGT	TCAGGCTAGC	TTCTTCACA	TAATGCTGTC	1620
TCAGCTGTAT	TTCCAGTAAC	ACAGCATCAT	CGCACTGACT	GTGGCGCACT	GGGAAATAAC	1680
AGTCTGAGCT	AGCACCACCC	TCAGCCAGGC	TACAACGACA	GCACGGAGG	GTCTCCCTC	1740
TCAGATTAC	CTGGAGGCC	TCAGACCCCC	AGGGTGCACG	TCTCCCCAGG	TCCTGGAGT	1800
GGCTACCGCA	GTAGTTCTG	GAGAGCACGT	TTTCTTCATT	GATAAGTGG	GGAGAAATGC	1860
AGCACAGCTT	TCAAGATACT	ATTTAAAAA	CACCATGAAT	CAGATAGGG	AAGAAAGTTG	1920
ATTGGAATGG	CAAGTTAAA	CCTTTGTTGT	CCATCTGCCA	AATGAACTAG	TGATTGTCAG	1980
ACTGGTATGG	AGGTGACTGC	TTTGTAAAGT	TTTGTGTTT	CTAATACAGA	CAGAGATGTG	2040
CTGATTTGT	TTTAGCTGTA	ACAGGTAATG	TTTTTGGAAT	AGATGATTGA	CTGGTGAGAA	2100
TTTGGTCAAG	GTGACAGCCT	CCTGTCGTGAT	GACAGGACAG	ACTGGTGGTG	AGGAGTCTAA	2160
GTGGGCTCAG	TTTGATGTCA	GTGTCAGGC	TCATGACTT	TAAATGGAAG	CTGATGAA	2220
CAGGTAAATT	ATATTATGAC	CCACTTCTAT	TTACTTTGGG	AAATATCTTG	GATCTTAATT	2280
ATCATCTGCA	AGTTTCAAGA	AGTATTCTGC	CAAAAGTATT	TACAAGTATG	GACTCATGAG	2340
CTATTGTTGG	TTGCTAAATG	TGAATCACGC	GGGAGTGAGT	GTGCCCTTC	CACTGTGACA	2400
TTGTCACATT	GTGACAAGCT	CCATGTCCTT	TAAAATCAGT	CACTCTGCAC	ACAAGAGAAA	2460
TCAACCTCGT	GGTTGGATGG	GGCCCGAAC	CAACCGAGTCT	TTTTGTATTT	ATTGTTACTG	2520
AGACAAAACA	GTACTCACTG	AGTGTGTTTC	AGTTTCCTAC	TGGTGGTTTT	GATATTGTTT	2580
GTAAAGATG	TATATTTAGA	ATGACATCAT	CTAAGAAGCT	GATTTGCTA	AACTCCTGTT	2640
CCCTACAAATG	GGAAATGTCA	CAAGAATGTG	CAAAAATAAA	AATCTGAGGA	AAAAACCAA	2700
AAAATTCCCTA	AAGAGAATG					2719

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1107 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

gggcggggca gcccagctga aggcaataag ctgggctcac cgctgcagca gagttctgtg 60
 ctagccgggc ataggggcga gagaaggccc agaggcgacg tcagagagaa gcaactgcgc 120
 cccggtgaag agaagctcgc ccatacaccgg ctgggagcca gcttcagtg aaqatggcag 180
 ggccagaact gttgcttgac tccaacatct gcctctgggt ggtcctaccc atcgittatca 240
 ctcttcgttag acatgatccg ccactacgtg tccatcctgc tggagagcga caagaagctc 300
 acccaggaac aagtatctga caggggacga ggcacccaca gtccctctcc cataaggctg 360
 ccaagaagat tgatgtggcc cgtgttaacgt ttgacctgta caagctgaac ccacaggact 420
 tcattggctg cctgaacgtg aaggcgactt tttatgatac atactccctt tccttatgatc 480
 tgcactgctg tggggccaag cgcatcatga aggaagctt ccgcgtggcc ctcttcagca 540
 tgcaggccac aggccacgtt ctgcgttggca cctcctgtt cctgcagcag ctccctcgatg 600
 ctacggagga agggcagccc cccaaaggca aggcctcatac ccttatacccg acctgtctga 660
 agataactgca gtaaaagccc aagtccctgg aagctttccc cagtgaagga ctgactgggg 720
 gcctcacgct taactggtag tgcccacaag cctggcagct gttagagccgc gaacctcccc 780
 acacccctt caccgcgcag gaccctgagt gaggaggagg agctggaaac ctgggggtggg 840
 ttggccaaag gagaacctca agctccctggc ctgatccagc tccttcctgc ccaaggcagc 900
 ttagccccatc cagactggtc ctgaagtctg tccctccatt ggcatgaagt ctgcccctca 960
 gcagtcggc ctcacaggtt gtactttcat ggtgctctt accttctggc ccccatccca 1020
 gaacattcgt gagtgaattc gcaagcatac tagcatgtga tattagggag tttgcaataa 1080
 attattgatg ctgatgtaaa aaaaaaa 1107

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1062 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

gtgaatatgt gtgtatgt gtgtgtgggg tttggggtag aaggaggaga 60
 gggggcagga cagtgtggaa tctctagggt gtatggtag gttagggggca cagttatgtc 120
 taatgtggct tttatgctaa aagctctgg ggatatctgt tttgaaaata aagataggtg 180
 tccctccctt gctgtcatct agccacagaca ctctgcttgc tctctggctg tctgctccct 240

gggaaggctt taggaggacc acccaggaca ggatgaccat gctgccatct gctctggagc 300
 tgggtctca tagcagaggga cagtactgt ggatgggtgc agtctctggt gggaggttag 360
 gatagaagtg ataaagagct aagaggagct tctgggagcc ttggaggagg tcagtcttc 420
 agtggtaag ccaggacata ggagatggag cagggctgtg agaggaggag attctgagga 480
 ggatgcaggg gaaatcttgt ctgttaatga aataggggtg ggggtgggtt tgggtgggg 540
 tggtcattgc cggttgagct gctgattttc atgagtcgcc ttcaaaaactc tcgtgttaggg 600
 ttgacaatgt ggggggggtgg gggatccagc ttattctttt atttcaagt ccattctgg 660
 ggctgggtggg gaggcaggag aataccccctc cctaaggccct tagtgtgtgc cgagcttgct 720
 ttgtgtatgtt ggcaggggag gggagacctg ggtgggtact gagttccctt tatcaaacc 780
 ttcaatgggc acaaaaattga gtgcgttgcattt taggtttatg aatgtccaaa 840
 tctgtgtttc cccctgcctc cccagactgt gtggccagtt gaaagtgtct ggtttgggtt 900
 catctctccc tcatttctgg agcaggccct gagaccctgc cacatctcct atgcctcgca 960
 tccacgcctc ttttggacat taaaggttga ttgatgcaaa acaactttac aacgggggtgg 1020
 cttggggaaag cctgggggttg gccggcttat ggggttgcgg cg 1062

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1471 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12

attacaggca tgagccactg taccaggcct ttccttataa aattcaaaga gaaaatttct 60
 acaccccttat ccctcaaata aaacaagtgc tcagttctta ccgtgcctt gcaaggctca 120
 tatgtaaaag aaatctgaaa tttagctgtt gaataaaaact tgataaaataa aaagaaaaaa 180
 catacatttc tccagttgtt ttgcctttt cttgttgaag taataaaccg ttttaaagag 240
 aaaatacttg ctgtaaaacc ccagtgcctt caactcttt ggcagaatat ttttaaagaa 300
 atccagcaag caaactttga ggtgtaatg aaagtaaagg aaggtggat ttctagttt 360
 ggcagaaatg aaaagtgtct cacaagagac atcactaccc acgtgggtc tggctgctt 420
 ctaccaaaga catttagaga agaagtgaat tgagtcaagg tgatgggtgaa cactacatat 480
 tttatagatg gttaaagtgtt gaattaatta tgtttatcat ggatggctac taataccaag 540
 ctcatgatttgcagccctc aacgtcttag gcagtaaaac ttgtctgcag cactaaagg 600
 ggagaaaccc ttatattttt caaactgtcc attcgtaaa ttattgtaa cctaatacca 660
 aaaactgccc ttttcatat tattccccca cctccctactt tttttttttt tttttgtcac 720
 ttgtaaaata accccttcata gaaaataagc attaactgga atgtttcaaa caattttgtct 780

tcattttact atcagccact agtgaactct tacagagatg tacatttaag ataaaattag 840
 cttgtgcataa gtgtttaaa aacattgtt actgttaaaag gggatttgc cattatattt 900
 aactgggatt gtccttccc tcaggcttt aaaaaacaag agtcaaggct cacaccaact 960
 tgttaggctgt gggagcttg ccataaggtg atacaatgtt gaagtatact tttttaaagc 1020
 atgaagaaga caaggaactt cattataatg taccaggtag aggacattt tattcaaaggi 1080
 attatgcaca gtcagtgaa gatgaaggta caattttct cgcaagcttg ttgctattat 1140
 tttcttctgc ataaatgtat gtcatttca ttatgtgcct tgctccctga ttgtgcaaagl 1200
 ctttatata tatatatata gatagataga tagatagata gatatatgag agagatata 1260
 tcagtaacta tgaggatgtt ttctgagga tgttttgtt ctgctggatt aagttattti 1320
 ccaagttact cttgccagtt atgtcagtaa actattgtaa tggcttagca cactagtcgtl 1380
 acagtcaagt taaatgttt tcatttacat gttttcatta tatcagctt acaaatcc 1440
 aaaaaaaaaa attcatagat ttcatttaaa c 1471

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2738 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

gctccgtgcc agcatgtac cctgggaggc acatccaggg ttggaaacg ggggtgtcct 60
 ggatctcatg actccagcag caccagctgc tctctttctt cttccaagta gacttccgtt 120
 cccccccac ttgggtgtt ttgttgtt tagcaattca gagctcaaga taaagacctt 180
 aaagataact ttgtgtgtct ctccctttctt aggtatttgc atagaatca gaggagttaa 240
 tcttgtctct tctcacaggt ttgaatcttc agacaaacctt ctgggaggac tcggccatg 300
 cctcgccagca gatgttccct gtcaatcagt aggcaaatg gctacccatt ctcccccaga 360
 atctcaccag tggctcaact gtgagaagac gttcaaccgg aaagaccacc taaaaaacca 420
 cctccagacc cacgaccacc acaaataggc ctgggggtt gaggagttg ggaagaagta 480
 caacaccatg ctgggctata agaggcacct ggccctccat gcggccagca gtggggac 540
 cacctgtggg gtctgtgcc tggagctagg gagcaccgg gtcgtactgg accaccta 600
 agcccatgcg gaaagagaagc cccctagcgg aaccaaggaa aagaagcacc agtgcgacca 660
 ctgtgaaaaga tgcttctaca cccggaaaggta tggtgcacgc cacctgggtt tccacacagg 720
 atgcaaggac tccctgtgcc agttctgtgc ccagagattt gggcgcaagg atcacctca 780
 ccggcataacc aagaagaccc actcacagga gctgatgaaa gagagctgc agaccggaga 840
 cttctgagc accttccaca ccatctgcc ttcattccaa ctgaaggctg ctgccttgcc 900
 tccttccctt ttaggagctt ctgcccagaa cgggcttgca agtagctgc cagctgaggt 960

ccatagcctc accctcagtc ccccagaaca agccgcccag cctatgcacg cgctgccag 1020
gtccctggcc tccttccacc ctctcggtatc ccctggctct cctccgcccc accttccca 1080
tcacaagtac aacaccactt ctacctcata ctccccactt gcaaggctgc ccctcaaagc 1140
agatactaaa ggttttgca atatcagttt gtttggggac ttgcctctgc aagagcctca 1200
gtcacctcaa aagctcaacc cagggttga tctggctaag ggaaatgctg gtaaaagtaa 1260
cctgccccaa gagctgcctg cagatgtgt gaacctaaca atacctgcct ctctggacct 1320
gtccccccctg ttgggtttct ggcagctgcc ccctcctgct accccaaaata cctttggaa 1380
tagcaacttt gcctggggc ctggggaaatc ttggcccccac aggttaagct gtctggggca 1440
gcagcagcaa gaaccccccac ttgcccatttgg cactgtgagc ctggggccagc tccccctgc 1500
ccccatccct catgtgttct cagctggcac tggtcttgcc atcctgcctc atttccatca 1560
tgcattcaga taattgattt taaaagtgta ttttcgat tctggaaagat gttttaaaga 1620
gcattttaaa tgtcagttac aatatgagaa agatttgaa aacgagactg ggactatggc 1680
ttattcagtg atgactggct tgagatgata agagaattct cgaactgcat gtattgtgc 1740
aatctgtcct gagtgttcat gctttgtacc aaatttaatg aacgcgtgtt ctgtaatca 1800
actgcaaata ttgtcataaac caacatccaa aatgacggct gctatatata agtgtttgtc 1860
atatggatt taatcgtaag ccatgatcat aatgttaact aaataacttt atgtggcact 1920
gccttagtaag ggaactatgg aaagggttgg atttctccaa atctgggaga attttcaaa 1980
taagaaaata accctttat gatataactat gactaggctg tgtatttctt ttcagggatt 2040
tttctaccc cagggttggc tgttagtttag ttactattac catagccaac ctgttagttt 2100
acatatacat ttcttggc agcaatagag ttctccattt tacagaagca ttttaatgt 2160
agtttgaata ttccacaa gatgctgca tgtagtttat cacttcattt atcttaaaga 2220
aagactaaac tggtgtcag ttacatctga cagaaaaaaaaaaaaatca ctgtgtAAC 2280
aggtaagtgt gtaaaataat ccaggcgtca gtcggaggca ttttgctgac ttatattg 2340
attatatttt taacaggaat ttaagaaaaat attactggaa ttaaaaaat atatataat 2400
aacaagaatt ttcttgcctc tgtctagctt aaactactac tcaagctgct taagttctt 2460
agtattgttt gtaatccacca ataaataagt gcatttgtaa ttcatcagtc attattagct 2520
tttattaaaaa gaagattacg ttttacaatg taactataat ctcttgaatt tggtatctt 2580
ttaatgagtt taaagatgt aaaacctaac cttttttaaa gctccattgt ctatgtttt 2640
tagaggcttt tccgtaaaca tatatcttac atataataaa ctttccaaat ctgcacaaaa 2700
aaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa 2738

2738

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1710 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STrang: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iv) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14

cgccgcggcc cctcctccca gagcggcagc ctttccgc gcgtgctgcc ttgcgcgcts 60
 gggccgccc ggggaaaaca tggcgctgc cctggagcag ttgtgaaca gtgtccgaca 120
 gcttcagct caaggcggaaa tgacacagct ttgtgaactg atcaacaaga gtggggaaact 180
 ccttgcgaag aacttatccc atctggacac tggctcgaa gctctggatg tacaagaaca 240
 ctccctggc gtccttgctg ttttgggttgaagtttct atgcccagtg ttccctgactt 300
 cgaaacgcia ttctcacagg ttcagcttt catcagcaact tgtaatgggg agcacatcg 360
 atatgcaca gacacttttgc ctgggcttg ccacatcgata acaaatacgac ttgtggaaag 420
 aaaacagtga caacataaga tccaatgtgc tgccatctt gagaacttat ctgaaagagaga 480
 tgtcatttct gacagccccct gcgaggaatt ggcacatcttta agcaagccat agacaagatg 540
 cagatgaata caaaccagct gacctaata catgctgatc tctgccagct ttgtttgcta 600
 gcaaaatgct ttaagcctgc ccttccatat cttgacgtgg atatgatgg tatctgtaaa 660
 gagaatggag cctatgtgc aaaacacttt ttatgttact attattatgg agggatgatc 720
 tatactggc tgaagaactt tgaaagagct ctctactttt atgaacaggc tataactact 780
 cctgccatgg cggtcagtc tatcatgttgaatcatata aaaagtataat tttagtgtct 840
 ttgatattac ttggcaaagt acaacagcta cccaaatataat catctcaaat tggggtaga 900
 ttcattaagc ctcttagcaa tgcataccac gagtttagcac aagtgttattc aaccaacaac 960
 ccctcagaac tccgaaacct ggtgaataag cacagtggaaa ccttcactcg cgataacaaci020
 atggggctgg tgaagcaatg cttgtcatct ctttataaga agaatattca gaggctaaca1080
 aagaccttt taactctatc attacaagat atggcaagtc gtgtgcagtt gtctggacct1140
 caggaggcag agaaatacgt tctgcacatg atagaagatg gtgagatttt tgcaagtatt1200
 aaccagaagg acggtatggt cagtttccat gataaccctg aaaaatataa taacccagcc1260
 atgcttcata acattgtatca ggagatgctg aagtgcattt agctggatga gcggctgaaa1320
 gccatggacc aggagatcac agtgaaccctt cagtttgcattt aaaaagatgat gggctcacaa1380
 gaagatgatt cagggaaacaa accatccatg tattcttgcattt actaacatcc atcctgagct1440
 aaacaagaga aactaccatc ttggccagtg acaagtgttc ggaggccagc agagaggacc1500
 aagcctgtgt cacctggaga ctaagaaaatt aagttttgtt ttgacatctt cagtcctgtg1560
 tgcttcaga aaaccatttt ctctgcaag aaaggaaaca gatttgcaaa cttaaagtct1620
 tgtcgtggat ttatattatcc tcagattatt gttactgcat taaatctacc tttttgtttt1680
 aagtgcattt aacattaaaa aaaaaaaaaa 1710

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3159 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

cgctggataa aagcattaaac catcagatcg agtctcccag taaaaggccg aagtctataa 60
gtggaaagaa gctgtgtcttc tcctgtggc ttcccttggg taaaggagct gcaatgatca 120
tcgagaccct caatcttat tttcacatcc agtgtttcag gtgtggaaatt tgtaaaggcc 180
agcttggaga tgcagtgagt gggacgatg ttaggattcg aaatggctc ctgaactgt 240
atgattgcta catgcgtatcc agaagtgcg ggacgcctac aacattgtga cacggcttc 300
aagttccgg atcactcacc atttcttac tgagagtgtc ccctggcaac tgcttaacaa 360
aatcccaagc tcaggggctt ctcagcattt acctaatttc taaaaggcct ttctgaaagg 420
tggtatctgt tcttcgtat cacagtgttt atgaaaaatcc tgggggttgc atgatcctg 480
tggttttttt tgcatttgc acagtataca caaaaagaata tgggggttgc atgatcctg 540
atagctcaaa aaaggttta gcatggcaa acaggcttgc gttttaaaat gtgttattct 600
cttcttggg aattagctaa atgatgcaat aaacctgttt tggttttagaa tgcttaggaa 660
ttaaacactat tatgttaca gaattgagct gcagaaaagtgc caagacatgc caatttgaga 720
cacacggctc tctaaagactg aaggataaaat ttaatgcatt tcagaaacta aacatcacag 780
caagcttat ctctgagctt taatttgtt ttaatgcaaa gacactagtt tgataatata 840
tactgtatct ctgaaacatt tggtttactt acctttggag gttagaaatta taccataaaa 900
ttattgcacc gttagttata gattctgttgc accttggaaag ttatgtcatt aatataaggct 960
ggttcatcaa ataaagcaaa accttgcattt atcagctaga ttacactcc gggacgttgc 1020
ccaaaggtag gaagaaagca gaggaaata ttcaagtcat catttccaaa gtcattatca 1080
aaatctgtga ggaagttta tcttccaaag agtcaatgtc agacatcagg cctctgttgc 1140
ctgcttcctcgaggcacta gattaggagt cticaataag agacttaaca tgaggatata 1200
ggaagatgag gcacccgagat aagttcatca ttaggtgtga gcaactgctca ccctgtctgg 1260
caagttctcc ttaagggcctt gaagcacagg tgccaaaga aaagcgtaa gtcattatca 1320
atagaatcta tgggttat tggatgtca gcccctggc tggatgtcagg aagaacctac 1380
agcacagatt atgccctgcc tttttgtcta tcaagaactc cggacccgtc ccatggagaa gtttagagag gaactcttgc 1500
ggagagctgg tttatattctt gcccctgtcg acgagttca gctggccaag aaaggagtca 1560
agttattaaa aagcatcaca atgtagatct ccaggctggg tttttgtttt ttgtgttaa 1620
gactggggaa agggggacta tttattctgc cttaaatcaa tggcaaaataa gtcagatga 1680
cattttgtga attagacta tggtttctg tggatacact cctaatacgat tgatgtatgc ataaaagggg 1740
gtcaagtaga tggtttctg cttagcattttt aataattttt ccgtgtctt tttagtatgg 1800
ctagcgattttt tttattacat gctagatggg ttcttgcattt gttttgttca tataagggtca 1860
gaaatttcctt cagccactgg tagattgaaa tctacacatc agggatttcg accatatttgc tcaattttgc gagctgttat 1920
gcacatggcg ataaattatg tccaaagactt ctatggagg atttcattaa aaattgtgcc ttagaaaacg caaagctgtt 1980
tccaaagactt ctatggagg aaaaaaaagag aaaaaattaa attcatttttgcattt gatcagttac attgaagaga gatgaagtca cttccaaagt 2040
aaaaaaaatggg aaaaaattaa attttgcattt tggatgttgcattt gttttgttgcattt tttagtatggaa aaaataaaaaa taaaaaaaaga 2100
attttgcattt tggatgttgcattt tggatgttgcattt gttttgttgcattt tttagtatggaa aaaataaaaaa taaaaaaaaga 2160
attttgcattt tggatgttgcattt gttttgttgcattt tttagtatggaa aaaataaaaaa taaaaaaaaga 2220
tgcattgtat tagcagatg ccactatggg tggatgttgcattt tttagtatggaa aaaataaaaaa taaaaaaaaga 2280
aaccgatattt tataaaatgc tttttacatg tggatgttgcattt tttagtatggaa aaaataaaaaa taaaaaaaaga 2340
tgaatattgc acattccctt ctttttttttgcattt tggatgttgcattt tttagtatggaa aaaataaaaaa taaaaaaaaga 2400
ctcattgtac atgtattgaa gctagaatcg agtcaagaaaa aataaaaggccc cattctccaa 2460
ctgcaaaatg tgctttccca taatgaacac tagtccccccg cacagaataa tctccaaacat 2520
tttctaaattt ctaattgcattt actgtttctt ttttttttttgcattt tggatgttgcattt tttagtatggaa aaaataaaaaa taaaaaaaaga 2580
ctgttacatg gcaatgttgcattt ctttttttttgcattt tggatgttgcattt tttagtatggaa aaaataaaaaa taaaaaaaaga 2640
tgatctattt ctttcaaat gtttttttttgcattt tggatgttgcattt tttagtatggaa aaaataaaaaa taaaaaaaaga 2700
ttgagctata atgtttatgc ttttttttttgcattt tggatgttgcattt tttagtatggaa aaaataaaaaa taaaaaaaaga 2760
gttcctgagg aagtatattgc ttttttttttgcattt tggatgttgcattt tttagtatggaa aaaataaaaaa taaaaaaaaga 2820
taataaaaaat aatgggttgcattt ttttttttttgcattt tggatgttgcattt tttagtatggaa aaaataaaaaa taaaaaaaaga 2880
ctatgtatgc tgattatgc aatacatattt atgtttatgc ttttttttttgcattt tggatgttgcattt tttagtatggaa aaaataaaaaa taaaaaaaaga 2940
caaactgaaa tgatccacat ttttttttttgcattt tggatgttgcattt tttagtatggaa aaaataaaaaa taaaaaaaaga 3000
ggccagttt statatcggt ttttttttttgcattt tggatgttgcattt tttagtatggaa aaaataaaaaa taaaaaaaaga 3060
ctgagaaaca gtaaaaaataa atgtacatt ttttttttttgcattt tggatgttgcattt tttagtatggaa aaaataaaaaa taaaaaaaaga 3120
aatgtacatt tataaaat ttttttttttgcattt tggatgttgcattt tttagtatggaa aaaataaaaaa taaaaaaaaga 3180

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1680 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16

aataatttga tgcattctgaa atttatatttt ctcatattgt tgtagatttt aacattgtat 60
ttttttcttt ttcttcctt ccctgctgcc tctctcctt caacagtccct ggtacctggg 120
ctagcttggt tcctttccaa gtgtcaaaata ggacaccat cttaccggcc aatgtccaaa 180
attacggttt gaacataattt ggagaacctt tccttcaaggc agaaacaaggc aactgaggga 240
aaaagaaaaca caacaataagt ttaagaaattt ttttttttaa ataaaaaaaaa ggaaaaagagg 300
aagactggac aaaacaacac aaaggcagaa aggaaagaaaa ctgaagaaag aagataatag 360
accagcaattt gcagcactta caatcactaa ttccccttaag gttgaaactg taatgacata 420
aaaagggctcg atgatatttc actgatggta gatcgacggc cctgcaacgt agcctttgtt 480
acatgaagtc cgctggggaaa tagatgttct gtctctatga caatataattt taactgactt 540
tctagatgcc ttaatatttg catgataaggc tagttttattt ggttttagtat tcttgggtt 600
tacgcatgga atcactatcc ctgggttatct caccacggaa ggctaggagg cggcgtcaga 660
ggtgctgggt gacagagcca tgagccagcc attttataag cactctgattt tctaaaagtt 720
aaaaaaaaata tatgaaatctt ctgtacccctt tagttatcag tacagattta ttaaatttcg 780
gcccttaacc cagccctttc cagtggttaa cccagtttga aatctaaaaa aaagaaaaaaa 840
tggaaaaaaa aggaaaaaaa gaaaaaaggaa aaaaaacagt ttgaacacaa aggctctatg 900
gaagaaaatgc ctctatgttag gtgaagtgtt ctctctgcat gcaacagttaa aaattaatat 960
aatattttcc ccacaaaaga aacacttaac agaggcaagt gcaatttata aatttatatc1020
taaaggggaa tcatgattat aagtccctca gcccttggac tctaaattga ggggattaaal080
aagaatttaa ataattttg aacgaattta tttccccctc agttttttag ggcattaaaaall140
aggcattaaa tcaagacaaa tcatgtgtt gggaaaaataa aaattaatga aaacacagcal200
cttatgttgg tttagctgca gcctccttgg aggttagaatttattttta aaattactgg1260
ttgcatcaag aacccatagg gtgtacaaaaa ggttctataa aatctgcatt atagagacaal320
agaggcagggc aaatccatgt cacaagggtt aagcttacag tttacaaact gggAACGCCal380
gggtgttagga tataaaaacg cacttggag aaaacaaatg taatcagggt gctgaaaact1440
tgcattggc tttcagacat tagcccttggt caacaaattt cttgtattga cagatccata1500
gtgtgcattgg gcagacacat tttgcctcta tgcattttttaa aatttttaattt aaaaataactc1560
tttccagttaa tcctaatttg cacgaagata taatgtccac attacgtgcc ttgccttgaal620

atctaaaaaa caaaaaacaa aaaagaaaaa gaaacaaaaaa atacaacaaa gtgacatcac 1680

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1722 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

cattgtttgc caaaatccca ggcagcatgg acctcagtct tctctggta cttctgcccc 60
tagtcaccat ggcctggggc cagtatggcg attatggata cccataccag cagtatcatg 120
actacagcga tgatgggtgg gtgaatttga accggcaagg cttcagctac cagtgtcccc 180
agggcaggt gatagtggcc gtgaggagca tcttcagcaa gaagaaggt tctgacagac 240
aatgaaacta cgcctgcatt cccacgccc acagacccacg ggaacccacg gagtgctgg 300
gggaggagat caacaggcgt ggcattggaa ggtaccagac gtgcctcaac aatgggctgg 360
tggcaggatt ccagagccgc tacttcgagt cagtgtctgg tcgggagtg cagtttact 420
gttgcgcta cagcaagagg tgccatatt cctgctggct aacaacagaa tatccaggtc 480
actatggta ggaaatggac atgatttcct acaattatga ttactatatac cgaggagcaa 540
caaccactt ctctgcagt gaaaggatc gccagtggaa gttcataatg tgccggatga 600
ctgaatacga ctgtgaattt gcaaattgtt agatttgcataccaaat ctgggtgaaa 660
ggaaaggggc cggggacagg aggggttcca catatgttaa catcagttgg atctcctata 720
gaagttctg ctgtcttcc ttgagctggta actgcattgc caacttcctg 780
ggccttcctg actagtatca cacttcaat aaaatccaca attaaaccat gtttctact 840
tttcacatgt ttcatagcaa ctgcattata tgactgtatg tggcttcctt gcacaccaca 900
tatacagtgc gcatgcttac agccgggctt ctggagcacc agctgcagcc tggctactgc 960
ttttactgc agaatgaact gcaagttcag catagtggag gggagaggca gaactggagg 1020
agaggtgcag tgaaggttct ctacagctaa gcctgttta atgatacgtt gttcccac 1080
caaaagcagg ctttctgccc tgagggacat ttcccactc ccctgcttcca catgagccat 1140
gcatgcttag caatccaagt gcagagctt ttgctccagg agtgaggaga ctgggagggt 1200
aaatgggaa atgaaagggt ttggaggcag agctgaaaac agggttggaa ggatitcc 1260
aattagaaga caaacgttag cataccagt aaggaaaatg agtgcagggg ccagggaaac 1320
ccgtgaggat cactctcaa tgagattaaa aacaaggaag cagagaatgg tcaagagaatg 1380
ggattcagat tgggaaacttg tgggatgag agtgaccagg ttgaactggg aagtggaaa 1440
aggagtttga gtcactggca cctagaagcc tggccacgat ttcttaggaag gctggcagac 1500
acccttggaaac cctggggagc tactggcaaa ttctccttggta ttggccttga ttttttttgt 1560
ggaaaggst gcccctggga tcaacttcc ttctgtgtt ggctcaggag ttcttctgc 1620

gagatggcgc tatcttccct ctcctgtga tgtcctgctc ccaaccattt gtactttca 1680
ttacaaaaga aataaaaata ttaacgttca ctatgctgaa aa 1722

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1612 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

ggccatggaa attaaagtgtt aaaaagactt gaagactgga gaaagtacag ttctgtcttc 60
aattacctct gccatcagat gactttaaag gtacaggaat aaaagtttat gatgatggc 120
aaaagtcaatgtt gtagtcaggta agttctaatac acagtgcagc atacaatggc accgatggcc 180
tggcaccagt tgaagtagag gaacttctaa gacaaggccc agagagaaac tctaaatccc 240
caacagagta tcatacgccct gtatacgcca atccctttt caggcctaca accccacaga 300
gagaaacgggt gacccttgga ccaaactttc aagaaaggat aaagattaaa actaatggac 360
tgggtattgg tgtaaatgaa tccatacaca atatggcaa tggctttca gaggaaaggg 420
gaaacaactt caatcacatc agtccccattc cgccagtgcc tcataccccga tcagtgattc 480
aacaagcaga agagaagctt cacaccccgca aaaaaaggct aatgactctt tggaaagaat 540
cgaatgtcat gcaggacaaa gatgcacccct ctccaaagcc aaggctgagc cccagagaga 600
caatattttgg gaaatctgaa caccagaatt ctccacccac ttgtcaggag gacgaggaag 660
atgtcagata taatatcggtt cattccctgc ctccagacat aaatgataca gaaccgggtga 720
caatgatttt catgggttat cagcaggcag aagacagtga agaagataag aagtttctga 780
caggatatga tggatcatc catgctgagc tgggtgtat tgatgatgag gaggaggagg 840
atgaaggaga agcagagaaaa ccgtccttacc accccatagc tccccatagt caggtgtacc 900
agccagccaa accaacacca cttcttagaa aaagatcaga agctagtctt catgaaaaca 960
caaatacataa atccccccac aaaaatttcca tatctctgaa agagaagaa gaaagcttag 1020
gcagccctgt ccaccattcc ccattgtat ctcagacaaac tggagatggg actgaggatc 1080
catccttaac agctttaaagg atgagaatgg caaagctggg aaaaaagggtg atctaagat 1140
tgtaccacct atataaacat ctttgaaga agaaaactaag aagcatttgc aaatttctt 1200
tctgatatt ttgttattt ttctgtatcgtt caaaaaaaaat atcattacag tggatcat 1260
taagccatgt gaataagtag tagtcattat ttgtgaaaaa ttccaaaaaa gctggggaa 1320
acaaatgtgt aacttttcca gttacttgac acgattcagt gggggaaaac cagcatttt 1380
tattcttattt ataccaaagc atttcttataa agagcttggt aaattttaaga ataaagttt 1440
ttaaaatata aagagtatag tatattaact ggcattgtaa ttttgatgtat acaaagat 1500

aaagatcata ggaaaggcatt gcccttcattt acagaaggat tcaactctga caaataaata 1560
tgtcatcctg aattaaaaat gccttaataa aagtacatcc tcctgctaaa aa 1612

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1304 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

agaagttccc aggcatcagg ctttacctgg ctacactggc aggcaacttc cgaatgcctg 60
tgttgaggga gtacctgtat tctggaggta tctgcccgtt cagccgggac accatagact 120
atttgccttc aaagaatggg agtggcaatg ctatcatcat cgtggtcggg ggtgcggctg 180
agtctctgag ctccatgcct ggcaagaatg cagtcaccct gcggaaaccgc aaggggctt 240
tgaactggc cctgcgtcat ggagctgacc tggttcccat ctactccctt ggagagaatg 300
aagtgtacaa gcaggtgatc ttcgaggagg gctcctgggg ccgtatgggtc cagaagaatg 360
tccagaaata cattggtttc gccccatgca tcttccatgg tcgaggccctc ttctccctcg 420
acacctgggg gctgggtgcc tactccaagc ccatcacccac tgggtggga gagcccatca 480
ccatccccaa gctggagcac ccaacccagc aagacatcga cctgtaccac accatgtaca 540
tggaggccct ggtgaagctc ttgcacaagc acaagaccaa gttcggccctc ccggagactg 600
aggcctgga ggtgaactga gccagccttc ggggccaatt ccctggagga accagctgca 660
aatcaacttt ttgctctgtt aatttggaaat tgcatagggt gtctgtgggt tatttaaaag 720
aaattataac aattttgtca aaccattaca atgttaggtc ttttttaaga agggaaaaatg 780
cagtatttca agttctttca cttccagttt gcccgttctt aggtgggtggc taaatctggg 840
cctaattctgg gtggctcagc taacctctt tcttcccttc ctgaagtgc aaaggaaact 900
cagtcttctt ggggaagaag gattgccatt agtgacttgg accagtttaga tgattcactt 960
tttggccctta gggatgagag gcgaaagcca cttctcatac aagccccctt attgccacta 1020
ccccacgctc gtctagtctt gaaactgcag gaccagtttc tctgccaagg ggaggagttg 1080
gagagcacag ttggccctt gtgtgagggc agtagtaggc atcttggatg ctccagtttg 1140
atctcccttc tgccacccctt acctcaccctt tagtcaactca tatccggagcc tggactggcc 1200
tccaggatga ggatgggggtt ggcaatgaca gcctgcagggg gaaagagctt tcgcccgtgg 1260
acgattttag ggggggttcc gccaccagtt ggtgtgggggtt gttta 1304

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1533 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

gcgaggagct ggcacgcaga cagggcctt gctcaagaag ccataccagc caagaattaa 60
aatctctaaa acatcagtgg atggatcc ccactttgtt gtggatttcc ccctgagcag 120
actcaccgtg tgcttcaaca ttgatggca gcccggggac atcctcaggc tggctctga 180
tcacaggac tctgggtgtca cagtgaacgg agagttatt ggggcacccg cccctccaaa 240
tggccacaag aaacagcgca cttacttgcg cactatcacc atcctcatca acaagccaga 300
gagatcttat ctcgagatca caccgagcag agtcatctt gatggtgaaa acagacttgt 360
gctccccctgc aaccagatg tggtgggtggg gagctgggg ctggaggtgt ccgtgtctgc 420
caacgccaat gtcaccgtca ccatccaggg ctccatagcc tttgtcatcc tcattccacct 480
ctacaaaaag ccggcgcctt tccagcgaca ccacctgggt ttctacattt ccaacagcga 540
gggcctttcc agcaactgcc acggactgtc gggtcagttc ctgaatcagg atgccagact 600
cacagaagac cctgcaggcc ccagccagaa cctcaactcac cctctgtcc ttcaggtggg 660
agaggggcct gaggccgtcc taacagtcaa aggccaccaa gtcccagtgg tctggaaagca 720
aaggaagatt tacaacgggg aagagcagat agactgtgg tttgccagga acaatgccgc 780
caaactgtt gacggggagt acaaggatta cctggcatcc catccattt acacaggat 840
gacacttggc cagggatgt ccagggagct ctgaagctgg cagcttaaa gatgcaagt 900
catgaaggac agtgtatgt ggagccgtg gggcagctt ttcatggct tgcacacgccc 960
tcagtcctg gcaattatgt ggactccatg acccaccctt ggtcagcat agatccgac 1020
tctgtctggg cgaagggttag ggggtggtag gggcgggaag cctgagtgc aatgtcattt 1080
ccctctactg cctcttcctg cctctccca ccctgcccac atccacagag gggagagaag 1140
ggtcatacgat aatgcacaa aagtctgtat ttgtcccaa cctgttttc ttttctgtt 1200
gcataatcata aagtaagct ttctgtgaa ggaagggtgc tatgaaactt ttttcttgg 1260
tggaaatggc caagtttagg cactctgtt tttgccttac actaatgtt agaaagctgt 1320
cttttcagtg gtgttgcagc ccccaagatgt gtggccaacc tctgtgc aagatctct 1380
tgcgtgatcc aggcccaccaa tcagcataat agccataca tttgatgtt gtaaaccatg 1440
aagtctttc ttgcaagacg ttttcttct gctgtggat cttgcctta aaaattgtt 1500
ttcattaaaa agaaatttga ttgaaaataa aaa 1533

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1304 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23

```

caagtgtgag ccaccacacc tggcctggaa ggaacctttt aaaatcgatt tacgtcttgt 60
attttgttct gtgatggagg acactggaga gagttgcata tccagtcaat catgtcgagt 120
cactggactc tggaaatcct attgggtcct ttattttatt tgagtttaga gttcccttct 180
gggtttgtat tatgtctggc aaatgacctg ggttatcaact tttccctccag ggttagatca 240
tagatcttgg aaactccta gagagcattt tgctcctacc aaggatcaga tactggagcc 300
ccacataata gatttcattt cactctagcc tacatagagc tttctgttgc tgtctcttgc 360
catgcacttg tgcggtgatt acacacttga cagtaccagg agacaaatga cttacagatc 420
ccccgacatg cctcttcccc ttggcaagct cagttgcctt gatagtagca tggttctgtt 480
tctgatgtac ctttttctc ttcttcttgc catcagccaa ttcccagaat ttccccaggc 540
aattttaga ggacctttt ggggtcctat atgagccatg tcctcaaagc ttttaaacct 600
ccttgctctc ctacaatatt cagtagatga ccactgtcat cctagaaggc ttctgaaaag 660
aggggcaaga gccactctgc gccacaaaagg ttgggtccat cttctctccg aggttgtgaa 720
agtttcaaa ttgtactaat aggctgggc cctgacttgg ctgtgggctt tgggaggggt 780
aagctgcttt cttagatctc cccagtgagg catggaggtt tttctgaatt ttgtctacct 840
cacaggatg ttgtgaggct tgaaaaggc aaaaaatgat ggccccttga gctctttgt 900
agaaaaggtag atgaaatatac ggatgtatc tgaaaaaaaaatgataatggatgtg acttccctg 960
ctctgtgcag cagtcgggct ggatgtctg tggccttct tgggtcctca tgccacccca 1020
cagctccagg aaccttgaag ccaatctggg ggacttticag atgtttgaca aagaggtacc 1080
aggcaaaactt cctgctacac atgcctgaa tgaattgcta aatttcaaaag gaaatggacc 1140
ctgctttaa ggatgtacaa aagtatgtct gcattcgatgt ctgtactgta aatttctaatt 1200
ttatcactgt acaaagaaaa ccccttgcta tttaattttt tattaaagga aaataaaagtt 1260
ttgtttgtta aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaa 1304

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2403 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

gtccctggcg ccctgccttt agccgtgggg ccccccaccc tcaccctctgg gtttccttagg 60
aatgtccagc ctcggagacc ttcacaaaagc cttggggaggg tgatgagtgc tggtcctgac 120
aagaggccgc tggggacact gtgctgttt ttgcgttcc tgtgatctcc cggcacgttt 180
ggagctggga agaccacact ggtggcagaa tcctaaaatt aaaggaggca ggctcctagt 240
tgctgaaagt taaggaatgt gtaaaaaccc tcacgtgactg ttttgtgcat ttgacctgg 300
gaagacgcct catgggaacg aacttggaca ggtgttgggt tgaggcctct tctgcagggaa 360
gtccctgagc tgagacgcaa gttggctggg tggtccacac cctgctctc ctgcagggtcc 420
acacacccctc caggcctgtg gcctgcctcc aaagatgtgc aaggcaggg tggctgcacg 480
gggagaggga agtattttgc cgaaatatga gaactgggc ctccctgctcc cagggaggtc 540
caggggccct ctctcctccc acctggactt ggggggaaact gagaacact ttccctggagc 600
tgctggcttt tgcactttt tgatggcaga agtgtgaccc gagagtccca ctttctctc 660
aggaacgtag atgtcggggt gtcttgcctt ggggggcttg gaacctctga aggtggggag 720
cggaacaccc tgcatecttc cccagcactt gcattaccgt ccctgctctt cccaggtgg 780
gacagtggcc caagcaagc ctcactcgca gccacttctt caagagctgc ctgcacactg 840
tcttggagca tctgccttgc gcctggcaact ctgcgggtgc cttggaaagg tcggaagagt 900
ggactttgtc ctggccttcc ctcatggcg tctatgacac ttttgtggta atggaaagca 960
tgggacctgt cgtctcagcc tgggggtttc ttctcatttg tcacaaccctt ggggttaggtg 1020
ggacgggggg ttcctgtgcc agatgaaacc atttggaaac tcggcagcag agtttgc 1080
aatgaccctt ttcaggatgt ctcaaagctt gtgcacaaagg tcactttct ttccctgcctt 1140
ctgctgtgag ccctgagatc ctccctccag ctcaaggac aggtcctggg tgagggtgg 1200
agatttagac acctgaaact gggcggtggag agaagagccg ttgctgtttt tttttggal 1260
agagctttt aagaatgcat tttttttcc tgggtggaaat tgagtaggaa ctgaggctgt 1320
gtttcaggta tggtaacaatc aagtggggga ttttcatgtt gaaccattca agccctcccc 1380
gcccgttgca cccactttgg ctggcgtctg ctggagagaga tgcattctgtc cgcattcccc 1440
tgcagctcca ggctcgccca gtttctctc tctccctgta tggtagtct catcagaata 1500
tgtggtagg gggtaggtgc acacgggtgc atgattgtc ttaacttgggt tggat 1560
gatttgacat ggaaggcctg ttgcttgctt ctggagaata gtttctctg tccccctcg 1620
aggcctcatt ctgttgc acactctgaa gtttgataca gatagggct tgatagctgt 1680
ggtccctctt cccctctgac tacctaaaat caatacctaa atacagaagc cttggcttaa 1740
cacgggactt ttagttgcg aaggccctag atagggagag aggtAACATG aatctggac 1800
gggaggggaga tactatagaa aggagaacac tgcctactt gcaagccagt gacctgcctt 1860
ttgaggggac attggacggg ggccgggggc ggggggttggg ttttagctac agtcatgaac 1920
tttggcgtc tactgattcc tccaaactctc cacccccacaa aataacgggg accaatattt 1980
ttaactttgc ctatgtttt ttgggtgagtt tcccccctc cttattctgt cctgagacca 2040
cgggcaaagc tcttcatttt gagagagaag aaaaactgtt tggaaaccaca ccaatgat 2100

ttttcttgt aataacttcaa atttattttt ttattatgtt gatagcagat gtgctattta 2160
tttatttaat atgtataagg agcctaaaca atagaaaagct gtagagattt ggtttcattt 2220
ttaatttgtt tgggagccctc ctatgtgtga cttatgactt ctctgtgttc tttgtatgg 2280
tctgaattaa tgacctggta tataaagcta tgcttagctt caaacaggag atgccttca 2340
gaaatttgta tattttgcag ttgccagacc aataaaaatac ctggttgaaa tacaaaaaaaa 2400
aaa 2403

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2517 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

cagagtaaaa ccttgtgcct ggtgacccaaa gtcctccaa agtgctttc cttctgggtt 60
attcaagcca aatatctggg tttccccctc tcctcattcc ctagcaaacc ccaattatct 120
tccaagatag gagatatttc ccattccctt cctttgtaaa tatctcatct cccactggag 180
agcccaggag cctattccctg gcatggatgt tctgtccaca cttgaggctg ggcgggttat 240
cagacccttc aagcagccctg gctggggccc aggactgagt ctggggtcag ctttcacgg 300
cgctttccctt ttcgtcacca cccaccacag cccaccttc atgcatggcc agccctcca 360
ctccagccctg agccatgtgt gcccctgcgg gaggaccat tcatgccaga aagctggtaa 420
ctccctccca gcattccctgc ggaaggagtc agtttctgag agtgtgactt ttcaaggcga 480
atgatgggaa agggttccccc agtccccaca gtggccccc ac ctctggggcc tgcaccagag 540
cccttctgtg tcacggccgg ctgtgcaccc atgcacacac ctacgcacac acaacactcc 600
gcactgcagt atattcttc caaagatttc cttaaaagc aagcactttt actaattatt 660
attttgtaaa tttttatctt cttctgtctt cttccctccctt gaatctattt tactgttgg 720
tattttgaa tctgtgtgtc agccaggaga ggcgtgtctg gcctgaaca tgggtggaa 780
tggaaaaggg tctgggagaa gatggcaac aaagagccag ggagtcatgg acatcgac 840
gacgcagacc ccagcagggtt cagttccctg ctggccaccag ctgttccagct ggggtgtctgg 900
agggaaaggagg gcagaggagg gtcatgtccc ttcaagctggg ggagggccc agtgagctcc 960
acgtggcttt ttcccaaagg gagcaagagg gaaggattgg ggcggaaaac aatggagagg 1020
ggacctgcga aggaaaacag ggaggaagtg agcggtttga tcagcctgtc atcacgggtt 1080
tctggcttc ttatggcc aggcccttaa gggacagata catcacatcc taagtttggg 1140
aaaggccctt gacccatgtc atctgagcgt ctccctccagt agctctgaaa gctgtggac 1200
ccaaatggcca ggattcccttc tccctgggtt tttgaggatc cctgggtctt ctgagactgg 1260

ccagggagg gatgggtggg ccagtggtag tggaaagca ggagggcag ccctctggai320
caagtgtat cccccataa acggctctca ggaggtagt gagtaggaga ttctgccttg1380
ttctgtatgag cctgtgcagg ggctccaggg gagcatgtg tccaggggc acagaagggt1440
ggtgagtgtg atcaaattcta gtctactcc cacttttag tctactctt acttttgtcc1500
accacccctg cctcctggat cttdcccac ttttttttc agcttttagga cctggggagai560
tcctgtgagt caaggcagac acccaatctt gcccccacac tcggggtcct ccaagaggtt1620
ggggggcaga gtcccagagc agccctttac cccaggtcca ggcctggaa tcctgagact1680
cgcgtttcct tggccagttg taacacagga cgtgtgtcg catgtcaag tgtggatgtal740
tgtgtgtcg tgggttttc tcattttttt agggaaacttgg aggtcgggg ttggaggtgc1800
tggcaatgg aacttcaaatt tcaatgtcgc ccagcagtga ggggagtcgg gaggtgaggc1860
ctgtaggcca accaatttgtt ggagttctcg cgatacccg gtgagaagtg gttcacccag1920
agggcaggg tggggccctc gggcagatct gtccttcgtt gcccctctgt cctcaaatgt1980
ccaaaatgtt ggaggacctc tggtcatatc ccacgcctgg gctcttgcca gcagtggagt2040
tacttagag ggatgtccca agctgtttt ccaatcagtgtt ttaagctgtt tgaaactctc2100
ctgtgtctgt gttttgtttt tggtgtgtg tgagagcaca tcagtgtgtg caggctgtgt2160
ttccccattt ctctccccc ttcaagaccca tcatttgagaa caaatgttaag aaatcccttc2220
ccaccacccct ccctgcctcc cagggccctt gccccggggaa caagatcacc cagcatcctt2280
ccccacccca gctgtgtatt tatataatgt gaaatataact ttatattttg tatcatgtg2340
cctatacgcc ctgccacccgt gtataaatcc tgggttatgc tccttatactt ggacatgaat2400
gtattgtaca ctgacgcgtc cccactctt tacagctgtt ttgtttctt gcaatgcatt2460
gtatggcttt ataaatgata aagttaaaga aaactcaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2517

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1668 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

gtatgccctc agaattcacga caactgttgc atgttaacatg gatctgtcta aatacccat 60
ggacacacag acatgcaagt tgcaagtggaa aactggggct atgtggaaa tgatgtggag 120
ttcacctggc tgagagggaa cgactctgtg cgtggactgg aacacctgcg gcttgctcag 180
tacaccatag agcggatattt caccttagtc accagatgcg agcaggagac aggaaattac 240
actagattgg tcttacagg ttagcttcgg aggaatgtt tggatattcat tttggaaacc 300
tacgttccctt ccactttctt ggtgggttg tcctgggtt cattttggat ctctctcgat 360
tcagtcctcg caagaacctg cattggggac aacaaaggaa gtagaagaag tcagttat 420

taatatcatc aacagctcca tctccagctt taaacggaag atcagcttt ccagcattga 480
aatttccagc gacaacgtt actacagtga cttgacaatg aaaaccagcg acaagtcaa 540
gtttgtcttc cgagaaaaga tggcaggat ttttgattat ttcacaattc aaaacccag 600
taatgttgcactattcca aactactgtt tcctttgatt ttatgttag ccaatgtatt 660
ttactggca tactacatgt atttttgagt caatgttaaa ttcttgcat gccatagtc 720
ttcaacagga caagataatg atgttaaatgg tatttttaggc caagtgtgca cccacatcca 780
atgggtctac aagtgactga aataatattt gagtctttc gctcaaagaa tgaagctcca 840
accattgttc taagctgtt agaagtccta gcattatagg atcttgtaa agaaacatca 900
gtccattcctt ctttcatctt aatcaaggac attcccattt agcccaagat tacaatgtt 960
ctcagggctg ttatttcggt ggctccctgg ttgcattt cctcatataa agaatggaa 1020
ggagaccatt gggtaaccct caagtgtcag aagttgttcc taaagtaact atacatgtt 1080
tttactaaat ctctgcaggc cttataaaat acattgttgc ctatttaggg agtaacattt 1140
tctagttttt gtttctgggtt aaaatgaaat atgggcttat gtcaatttcat tggaagtca 1200
tgcactaact caataccaag atgagttttt aaataatgaa tattatattt tcccacaac 1260
gaattatccc caatttccaa taagtccat cattgaaaat tcaaataataa gtgaagaaa 1320
aatttagtaga tcaacaatct aaacaatcc ctcgggttca agatacaatg gattccccat 1380
actggaaagga ctctgaggct ttattcccc actatgcata tcttattcatt ttattattat 1440
acacacatcc atcctaaact atactaaagc cttttccca tgcattggat gaaatggaa 1500
atttttttt aacttggctt agaagtctt atatggctg ttgcattgaa ggcttgca 1560
attgagtcca ttttcttagct gccttattt acatagtgtt ggggtactaa aagtactggg 1620
ttgactcaga gagtcgctgt ccagtcgtc attgctgcta ctctaaca 1668

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:28:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1768 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

ctccgaggcc aggaacgctc cgtctggAAC ggcgcagact tttgccatgg gcttcattgac 60
gggcaccatt tccagtatgt accaaaccaa agccgtcatc attgcaatga tcatcactgc 120
ggtgttatcc atttcagtc ccatcttctg ctttcagacc aagggtggact tcacctcg 180
cacaggcctc ttctgtgtcc tggaaattgt gtcctgggtg actgggattg tcactagcat 240
tgtgtctac ttccaatacg tttactggct ccacatgctc tatgctgctc tggggccat 300

ttgtttcacc ctgttctgg cttacgacac acagctggc ctgggaacc ggaagcacac 360
 catcagcccc gaggactaca tcactggcg cctgcagatt tacacagaca tcatctacat 420
 cttcacctt gtgctgcagc tgatgggga tcgcaattaa ggagaagcc cccatttca 480
 cccgatctg gctctccct tccaagctag agggctggc cctatgactg tggtctggc 540
 ttagggccc ttccttccc ttgagtaac atgcccagt tccttctgt cctggagaca 600
 ggtggctct ctggctatgg atgtgtggg acttgggtgg gacggaggag ctaggacta 660
 actgttgctc ttggtgggct tggcaggac taggctgaag atgtgtctc tccccgccac 720
 ctactgtatg acaccacatt ctccataaca gctgggttg tgagaatat gaaaagagcc 780
 tattcgatag ctagaagggg atatgaaagg tagaagtgc ttcaaggtca cgaggttccc 840
 ctcccacctc tgcacagggc ttcttgcacta cgtagttgaa gctatttctt cccccagcaa 900
 agccagagag ctttgtcccc ggcctcctgg acacataggc cattatcctg tattcctt 960
 gcttggcatt ttttagctca ggaaggtaga agagatctgt gcccattggg ctccttgctt 1020
 caatcccttc ttgtttcagt gacatatgta ttgtttatct ggttaggga tgggggacag 1080
 ataatagaac gagcaaagta acctatacag gccagcatgg aacagcatct cccctggct 1140
 tgctcctggc ttgtgacgct ataagacaga gcaggccaca tgtggccatc tgctcccat 1200
 tcttgaaaagc tgctggggcc tccttgcagg cttctggatc tctgtcaga gtgaactctt 1260
 gtttcctgta ttcaaggcagc tcagacgaga aagtaagggg cagagtata cgtgtggcca 1320
 ggaagtagcc agggtaaga gagactcggt gcgggcaggg agaatgcctg ggggtccctc 1380
 acctggctag ggagataccg aagctactg ttgtactgaa gacttctggg ttcttcctt 1440
 ctgctaaccg agggagggc ctaagaggaa ggtgacttct ctctgttgc ttaagttgc 1500
 actggggat ttctgacttg aggccatct ctccagccag ccactgcctt ctttgaata 1560
 ttaagtgcct ttagctggaa tggggaaagg ggacaagggt cagtcgtcg ggtggggca 1620
 gaaatcaaat cagcccaagg atatagttag gattaattac ttaatagaga aatcctaact 1680
 atatcacaca aaggataaca actataaaatg taataaaaatt tatgtctaga agttaaaaaa 1740
 aaaaaaaaaa gtaaaattaa tttgtgtt 1768

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3479 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29

ccaggagaca cttcgcccc agatgaaagg cttcctcaat cgaaaacacg agtggggaggc 60
 ccacaataag aaagcctcaa gcaggtcctg gcacaatgtt tattgtgtca taaaataacca 120

agaaaatgggt ttctacaaag atgcaaagac tgctgcttct ggaattccct accacagcga 180
ggtcctgtg agtttgaag aagctgtctg cgaagtggcc cttgattaca aaaagaagaa 240
acacgtattc aagctaagac taaatgatgg caatgagtagt ctcttccaag ccaaagacaa 300
agagaagcggtt tcagcctt ttggcaaaaa gaaatgaact ccttccttc acctcctgcc 360
cttccttac ctttcagtc aaactccagc acgcaagctc attgacacaa gaacacagat 420
tcttgccgct tcctatgaac tgcacaagtt ttaccacat gccaggaga tctttggcg 480
tatacaggac aaacacaaga aactccctga ggagcttggg agagatcaga acacagtgg 540
gaccttacag agaatgcaca ctacatttga gcatgacatc caggctctgg gcacacaggt 600
gaggcagctg caggaggatg cagcccgct ccaggcggcc tatgcgggtg acaaggccga 660
cgatatccag aagcgcgaga acgaggctt ggaaggctgg aagtccctcc tggacgcctg 720
tgagagccgc agggtgcggc tggtgacac aggggacaag ttccgccttc tcagcatggt 780
gcfgcaccctc atgctcttga tggaggatgt catccggcag atcgaggccc aggagaagcc 840
aaggatgtt tcatctgtt aactcttaat gaataatcat caaggcatca aagctgaat 900
tgatgcacgt aatgacagtt tcacaacctg cattgaactt gggaaatccc tggcggcag 960
aaaacactat gcatctgagg agatcaagga aaaattactg cagttgacgg aaaagagaa 1020
agaaaatgatc gacaagtggg aagaccgtat ggaatggta agactgattc tggagggtcc 1080
tcagttctca agagacgcca gtgtggccga ggcctggctt cttggacagg agccgtacct 1140
atccagccga gagataggcc agagcgttga cgaggtggag aagctcatca agcgcacgal 1200
ggcatttga aagtctgcag caacctggga tgagagggtc tctgccttgg aaaggctgac 1260
tacattggag ttacttggaa tgcgcagaca gcaagaggaa gaggagagga agaggcggcc 1320
gcctctccc gagccgagca cgaaggtttca agaggaagcc gagtcccagc agcagtggga 1380
tacttcaaaa ggagaacaag tttcccaaaa cggtttgcca gctgaacagg gatctccacg 1440
gatgcagaa acgggtggaca caagcgaaat ggtcaacggc gctacagaa acaggacgag 1500
ctctaaagag tccagccccca tccccctcccc gacctctgtat cgtaaagcca agactgcct 1560
cccagcccg agtgccgcca ccttaccatc cagaaccccg gagacacccctt cggcccgat 1620
ggaaggcttc ctcaatcgga aacacgagtg ggaggcccac aataagaaag cctcaagcag 1680
gtcctggcac aatgtttatt gtgtcataaa taaccaagaa atgggtttct acaaagatgc 1740
aaagactgct gcttctggaa tcccttacca cagcgaggatc cctgtgagtt taaaagaagc 1800
tgtctgcgaa gtggccctt attacaaaaaa gaagaaacac gtattcaagc taagactaa 1860
tgatggcaat gagtacctt tccaagccaa agacgtatgaa gaaatgaaca catggatcc 1920
ggctatctt tccgcacatc cctctgatc acacgagggtc tctgcagca cccagagcac 1980
gccagcatcc agccgcgcgc agaccctccc caccagcgatc gtcaccatca ccagcgagtc 2040
cagtcggc aagcggaaaa aggacaaaga gaaagacaaa gagaagcggt tcaagccttt 2100
tggcaaaaag aatgaactc ctttcttca cctctgccc ttctcttacc ttttcagtga 2160
aattccagca tgcaagtcgaa acaccacattactctt gtgcataatg ttcctcaatg 2220
tggtgattt tttttttttt ttaatttata gagcatttcg ggggggggtgg gggaaacaca 2280
cctaaacact ttatctccaa gttacaaaag tttgaggatgc agagggaaagg ccagatttt 2340
ttttatga aattatataatg attagatctc agtattttaa ctgtcctca attttgcgat 2400
gctgtgtgg aaataaccgc cctcttagtgc tgggtgtatg caaggcagcg gtgcttaatc 2460
aatatttcct gtgctcacca gagacaaat gtaccaatat cctgacacca ttctctctcc 2520
atttacttct ggtggttacc ctgactcttgc actcttagaa gtgcccggaa tggggctaac 2580
ctttattaaa cagatcgcat attatgatct tgctgcagcc acagtgcagc tccacattaa 2640
ctctacagac caaaccattt gtatctggca tcacttacta acacacgaca tgcggcttt 2700
ctgcatcaac tgctatgacg gttaaagatg tcagtataca agaaggaata gaaaactgat 2760
actgtttaa ataatctgtt atttcaattt tttttttt gctgaaatac attatattgt 2820
acgtttgaga taattcttagt acaaagtata ataaaacttag atgtataata aaccctttaa 2880
atcattggta agtgtacaag tgggtggactt gaagcattta ctggacaaag taatgttact 2940
ctaattggta ctgcgtcg cgttgcacca ctgtgttata atttgcctca ttctcttgc 3000
atttgcatac tagtgtgtcat ttctctgtca ctgtaaactat tgtaatgaca aattttcatc 3060
ttactgcaca atcaaaaatga cattgatagg aatgaactcc agaggtggg cctgaacagg 3120
gaggtggcg ctcaggccctg gtgcgtatc gtacgacccctg tacctctcaa cttttggcc 3180
atctgtttaaa tatatgttat gtcattaaat gcttttaaat ctaaaaaaaaaaaa aaaaagttgt 3240
tggcttcctt ctgctgcgtg tgcatgccc gtagggaaac tgcaagggg agaaatgaca 3300
aacaagaaac attttacaac cagtcggc tcacttttgc attttttatg catgtctgg 3360
gcacaagctt tgaaaactac agcaaacagt aataaaatgtg actgttttgt agttataaga 3420
gagaaaaaaaaa agaaaaaaaaa ggaaaaaaaaa agaaagaaaa aagaagagga ggagagaac 3479

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 933 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

gctcctccct	tccttcttt	tacattttag	tcttagcatt	tacttcccc	accccacatt	60
cttggAACAG	ccttagtC	tacaggaaAT	ggcactgatG	gacagaAGAC	tagcattacc	120
ttcatgaaAG	ggctgttagA	gctgcctggG	aagaaggcgt	gccttggga	actggaaaga	180
tgccgtcaGT	gtgggtggc	aggaggacag	ccagtcgtcc	tgctgccagc	ccaatagctt	240
ccagcggcag	gtgcccagtG	gctaccggag	cccctcataG	ggtaggggc	agggactgca	300
cctcctccag	gcaCTcatcg	taaggctcct	ggtaCTccTc	atggggcttg	accattatca	360
cacaggtggg	gcgcttgggA	cctgcggctg	cacccaggtc	cgTTcagagg	ggaaagaagt	420
gctgtttggA	aaaaagctgt	acaacctgtA	tgccaggaag	tcaccaactg	atgacccacc	480
agcctaATct	ggcccacaac	catgttctgt	tcggTccatg	ttctatttaa	aagcatcttg	540
aattgggtgc	catcatttaa	actcaatcag	actttgaagg	catgtccag	ccacacagg	600
cctacattcc	cacatggcaa	ctatgaaagg	gctccagccc	agcagggct	gtcccggTcc	660
ctgccaccc	cacttcctgt	gcctcagatc	tggcccctgt	tacgtaaat	aaggacagct	720
acaggTccct	ctgagcctaa	acccacctaa	ccggactaac	atgggtgaag	atcttagctt	780
acaaaagctt	ttcacatACA	tctatcttt	tattctcata	gtccacagat	aactgactat	840
ttggTTctta	ccatcaggCC	aaacggtaag	ttccttcaga	acagggcctc	ctgctttatc	900
ccaagaagtG	ataatgtagg	tacccaagat	cca			933

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2783 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31

gactttaaaa aaattttac agttatTTT atTTTgtaga atgagctgaa agccagtgg 50
ggcggaaatca aaattcataa aatggagcaa aaggagaatg tgcccccagg tcctgaggc 120
tgcacccatccc atcaggaagg ggaaaagatt tctgcaaATG agaatAGCCT ggcagtccgt 180
tccaccctg ccgaagatga ctcccggtac tcccaggtta agagtgaggt tcaacagcct 240
gtccatccca agccactaag tccagattcc agagcctcca gtcttctga aagttctct 300
cccaaagcaa tgaagaagg tcaggcacct gcaagagaga cctgcgtgga atgtcagaag 360
acagtctatc caatggagcg tctcttggcc aaccagcagg tgTTTcacat cagctgcttc 420
cgTTGCTCCT attgcaacaa caaaACTCAGT CTAGGAACAT atgcATCTT acatggaaga 480
atctattgtt agcCTCactt caatcaactc ttAAATCTTA AGGGCAACTA TGTGAGGC 540
tttgggcaca gaccacacaa ggatctatgg gcaagcaaaa atgaaaacga agagatTTG 600
gagagaccag cccagCTTgc aaatgcAAGG gagacCCCTC acagCCCAGG ggtagaAGAT 660
gcccctattg ctaagggggg tgcTCTGGCT gcaagtatgg aagCCAAGGC CTCCTCTCAG 720
caggagaagg aagacaAGCC agCTGAAACC AAGAAGCTGA ggatCGCTG GCCACCCCCC 780
actgaacttgc gaagttcagg aagtgcTTG gaggaAGGGA TCAAAATGTC AAAGCCAAA 840
tggcCTCTG aagacgaaat cagcaagccc gaagttcCTG aggatgtcga TCTAGATCTG 900
aagaagctaa gacgatCTTC ttcaCTGAAG gaaAGAAGCC GCCATTCAc TGTAGCAGCT 960
tcatttcaaa gcacCTCTGT caagAGCCCA AAAACTGTGT CCCCACCTAT CAGGAAAGGC 1020
tggagcatgt cagagcagag tgaagagtct gtggggTggaa gagttgcaga aaggaaacaa 1080
gtggaaaatg ccaaggCTTC taagaAGAAT gggaaATGTG gaaaaacaac CTGGCAAAC 1140
aaagaatcta aaggagAGAC agggAAAGAGA ATGAAAGGAGA GTCATAGTTT GGAGATGGAG 1200
aatgagaatc ttgtAGAAAAGAAGAGAC TCCGATGAAG ATGATAACAG CTTCTCAA 1260
caacaatCTC cacaAGAACc CAAGTCTCTG aattggTCGA GTTTGTAGA CAACACCTT 1320
gctgaagaat TCACTACTCA GAATCAGAAA TCCCAGGATG TGGAACTCTG GGAGGGAGA 1380
gtggTCAAAG AGCTCTCTGT GGAAGAACAG ATAAAGAGAA ATCGGTATTA TGATGAGGAT 1440
gaggatGAAG AGTGACAAAT TGCAATGATG CTGGGCCTTA AATTCAATGTT AGTGTAGCG 1500
agccactGCC CTTTGTCAAA ATGTGATGCA CATAAGCAGG TATCCCAGCA TGAATGTA 1560
tttacttggA AGTAACTTTG GAAAAGAATT CCTTCTTAA ATCAAAAACA AAACAAAAAA 1620
acacaaaaaa cacattctaa atactAGAGA TAACTTTACT TAAATTCTTC ATTttagcag 1680
tgatgatATG CATAAGTGT GTAAGGCTG TAACTGGGA AATTCCAC CTGATAATAG 1740
cccagattct actgtattcc caaaAGGCAA TATTAAGGTA GATAGATGAT TAGTAGTATA 1800
ttgttacaca CTATTTGGA ATTAGAGAAC ATACAGAAGG AATTAGGGG CTTAAACATT 1860
acgactGAAT GCACTTTAGT ATAAAGGGCA CAGTTGTAT ATTttaaat GAATAACCA 1920
ttaattttt AGTATTTACC TGTAAAGAGA TTATTTAGTC TTAAATTtT TTAGGTTA 1980
tttcttgctg TGATATATAT GAGGAATTa CTACTTTATG TCCTGCTCTC TAAACTACAT 2040
cctgaactcg acgtccTGTAG Gtataataca ACAGAGCAGT TTTGAGGCA ATTGAAAAC 2100
caacctacac TCTTCGGTGC TTAGAGAGAT CTGCTGTCTC CCAAATAAGC TTTGTATCT 2160
gccagtGAAT TACTGTACT CAAATGATT GCTTCTTT CTGGTGTAT CTGTGCTTCT 2220
cataattact GAAAGCTGCA ATATTttagt AATACCTTCG GGATCAGTGT CCCCATCTT 2280
ccgtgttaga GCAAAGTGAAG GAGTTAAAG GAGGAAGAAG AAAGAACTGT CTTACACCAC 2340

ttgagcttag acctctaaac cctgtatttc ccttatgatg tcccctttt gagacactaa240
 ttttaaata cttaacttagct ctgaaatata ttgatttta tcacagtatt ctcagggtga1460
 aattaaacca actataggcc ttttcttgg gatgattttc tagtettaag gtttgggac1520
 attataaact tgagtacatt tggtgtacac agttgatatt ccaaattgta tggatggag1580
 ggagagggtgt cttaagctgt aggctttct ttgtactgca tttatagaga ttttagctta1640
 atattttttta gagatgtaaa acattctgct ttcttagtct taccttagtct gaaacattt1700
 tattcaataa agattttaat taaaatttga aaaaaaaagga aaggggaggg ggggtggagg1760
 aaaaaaaaaa gggcgccgc cgc 2783

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3411 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

gaagctctgt tgtctcgaaa acatgtcttg gaattggaga acagcaaggg ccccagcctg 60
 gccttttag aggggaaaga agataagggg aagagcagct catcccaggt ggtggggcca 120
 gtgcaggagg aagagtatgt agcagagaag ttgccaagta gttcatcgat gtcggctcac 180
 acagagctgg caaaggacga tgcggcgcca gcaccccccag tcgcagacgc caaagcccg 240
 gatagagggtg tcgagggaga actggcaat gaggagagct tggatagaaa tgaggaggc 300
 ttggatagaa atgaggaggc cttggataga aatgaggaga gcttggatag aaatgaggag 360
 ggcttggata gaaatgagga gattaagcgg gctgccttcc agataatctc ccaagtgtac 420
 tcagaagcaa ccgaacaggt gctggccacc acgggtggca aggttgtcagg tcgtgtgt 480
 caggccagtc agctccaagg gcagaaggaa gagagctgtg tcccagtta ccagaaaact 540
 gtcttggcc cagacactgc ggacactgcca cagcagaggc agctgttgc cccggatg 600
 ctggcctccc cttggccaggc ctaccagcag agggctcacc accaccaaag acctacgtga 660
 gctgcctgaa gggcttctg tccagccccca ccaaggacag taagccaaat atctctgcac 720
 accacatctc cctggccccc tgccctggcac tgaccacccc cagtgaaagag ttgccggacc 780
 gggcaggcat cctgggtggaa gatgccaccc gtgtcacccg catgtcagac agcagccaaa 840
 gtgtcccttt ggtggcttcc ccaggacact gctcagatcc ttccagcact tcagggttt 900
 aagactcttg cacagagacc agctcgagcc ccagggacaa ggccatcacc cccgcactgc 960
 cagaaagtac tttgtcccttc agcaatgggg tgctgaaggg ggagttgtca gacttgggg 1020
 ctgaggatgg atggaccatg gatgcggaaag cagatcattc aggaggttct gacaggaaca 1080
 gcatggattc cgtggatagc tttgtcagtc tcaagaagac tgagagcttc caaaatgccc 1140

aggccaggctc caaccctaag aaggtcgacc tcatcatctg ggagatcgag gtgc当地1200
 acttagtcgg tcggctaatt ggcaagcagg ggc当地tatgt gaggtttctg aagcaaacat1260
 ctgggtccaa gatctacatt tcaaccctgc cttacaccsa gagc当地ccag atctgcca当地1320
 tagaaggctc tcaacatcat gtagacaag cgctgaactt gattggaaag aagttcaaaag1380
 agctgaacctt caccataatc tacgctcccc cattgc当地tc actggcactg cctt当地tgc当地1440
 cgatgacatc ctggctcatg ctgctgatg gcatcaccgt ggaggtcatt gtggtaacc当地1500
 aggtcaatgc cgggcacctg ttctgtc当地g acgacacacaca cc当地tacctt caccgc当地tgc当地1560
 gc当地gctcga cc当地gagatg tacctctgtt actctc当地g tgg当地atcccc acctt当地ccal1620
 cccc当地gtga aataacggc atctgtccg cccctgg当地g ggac当地ggcc tgg当地ggc当地1680
 ccc当地gtgt tgc当地tctac gaggagacca acgaa当地gtga gattc当地atac gtggactac当地1740
 gc当地gatataa gagggtgaaa gtagacgtc tccggcaaaat caggtctgac tt当地tacc当地1800
 tgcc当地ttca gggagcagaa gtc当地tctgg acagtgat gccc当地gtca gacgatgacc当地1860
 agt当地tttccacc ggaagcagat gcc当地ccatga gcgagatgac ggg当地ataca gca当地tctt当地1920
 ctc当地aggtgac aagttacagt ccaactggtc tt当地ctctgat tc当地gtgtgg agt当地gggt当地1980
 gagatgaaatg ggt当地ttgata aaccgg当地ccc tgg当地ggagcg aggctt当地gca cagt当地ggtag当地2040
 acagctacta cacaagc当地t tgac当地ccat gctg当地tctt gagagtctt tt当地tca当地t当地2100
 tt当地aaattgg gctt当地ggact caagtc当地aaag atgaa当地atcg gaataaca当地a cattg当地ctc当地2160
 tcc当地agaaatg cctt当地tcttcc tcc当地actgt agt当地ctt当地t当地t当地t当地t当地t当地2220
 gaaaaaaagga tgg当地actatg ggt当地ctt当地tcaaaagccaa aggatagtg ttaacaagcc当地2280
 agctggctt当地a tcc当地gtt当地tcaagctt当地taccagatg tcc当地tatttccc cctg当地tccat当地2340
 tcc当地ctt当地tcc当地tctat ctc当地tccccc ggca当地aaaacc aaaca当地actg gca当地acaggc当地2400
 caggatgta tgg当地gtt当地tca gtagagggg tcc当地t当地t当地t当地t当地t当地t当地2460
 gcaagacatg aactgactaa tt当地gtatccca ctactt当地tac agctt当地atac aatgagtt当地a2520
 tgat当地tttaa cc当地gtt当地ttaaactt当地tcat ttaggt当地ctt当地t当地t当地t当地t当地t当地2580
 gcaactgtaa atatgaaatg gtc当地atc当地at ctc当地acccggg tca当地gtggaa ggg当地actgg当地2640
 tatc当地ctgcca agc当地ctgg当地ttaaattt当地tca ttt当地tgcaaa ct当地t当地t当地t当地2700
 atgt当地tttaa acaaatgtaa tattt当地gtac aagatacact ggaga当地aaaaa ggg当地actcaa当地2760
 gattt当地tcca gcclocalcatgtc acctgtaggt agaagtaaact tctglocalagtgc agctt当地t当地t当地2820
 ct当地ggccccc ct当地ggccaggg cccctglocalggc tt当地ctglocalcaca ct当地ggacaggg gactglocalatgg当地2880
 tagagactgt gatctggaa ct当地ttt当地gtc tacaatctg tt当地aaaaaaa agagttgatg当地2940
 atat当地taacc agt当地ttt当地tata aactt当地tattt aggtt当地ctt当地tcaaa acacagactt tt当地aaaaat当地t当地3000
 caactgtaa tatgaaatgg tcatc当地atc tgc当地ctt当地tgg cagt当地ggggag ggg当地actgg当地3060
 atc当地ctgcca gc当地ctgg当地ttaaattt当地taca cattt当地ctat tt当地tgcaaaac tctg当地aaata当地3120
 tgg当地tttaa caaaatgtaat tattt当地gtaca agatacactg gagaaca当地aa ggaactcaag当地3180
 attt当地tccag cc当地acatgtca cctglocaltaggtt gaagtaaact ctglocalagtgc gctt当地t当地t当地3240
 tt当地ggccccc tggccagggg cc当地ctgtggc tt当地ctglocalcaca tggacagggtg actglocalatgg当地3300
 agagactgtg atctggaaac tt当地ttt当地gtc tcaaaaatgtaa actc当地t当地t当地t当地t当地t当地t当地3360
 gtgglocalgtgtt tgattt当地ttt ttagactggc tt当地cagcatgg tgc当地gtt当地a a 3411

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1393 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

gaagaagaga aaaaagaggt gatgtttcag aatggagaga cccccaagga cctgaatgtat 60
gagaaacaga agaaaaatata taaacaacgt ttcatgttta acattgcaga tggtggtttt 120
actgagttgc actcccttg gcagaatgaa gagcggggcag ccacagttac caagaagact 180
tatgagatct ggcacatcgacg gcatgactac tggctgctag ccggcattat aaaccatggc 240
tatccccgtt ggcaagacat ccagaatgac ccacgctatg ccatctcaa tgaggctt 300
aagggtgaaa tgaaccgtgg caatttctta gagatcaaga ataaatttct agctcgaagg 360
tttaagctct tagaacaacgc tctgggtattt gaggaaacagc tgccggggc tgcttactt 420
aacatgtcag aagacccttc tcacccttcc atggccctca acaccgcgt tgctgagg 480
gagtgggggg cgaaagtca tcagcacctg tccaaggagt caatggcagg aaacaagcca 540
gccaatgcag tcctgcacaa agttctgaaa cagctggaaag aactgctgag tgacatgaaa 600
gctgatgtga ctgcactccc agctaccatt gccgcattt ccccaagtgc tgtgagg 660
cagatgtcag agcgttaacat tctcagccgc ctggcaaaacc gggcaccgcg acctacc 720
cagcaggtag cccagcagca gtgaagatgc agactgatac caccccccacc gctgagcagt 780
gaccccttc accttcttcc ttcccagctt ctccccctggg ggccctgagag accctcac 840
tccttcgtcc catcttccat gttgtaaagg aacagccca gtgcactggg ggagggggagg 900
gagtgggggg cgatgggtgcc cttccctgcag aagagacatg cagcagtagc gctggccca 960
tctgcaggag ctggccggctt ggcccttctgg accctggctt ctccccactg taacgcctgt 1020
tacacacaaa ctgttgcggg ttccctgcag gttgaagaa aatgatctga atttttctt 1080
ccttttgggtt ttatttgtt gttttttttt ttcttcctttt tggggggat 1140
tcagatgtgg ctggggccctt gggcgagaca cagctaccctc tttttttttttaatacl 1200
caggaaccca gggctcttag ccactgagcg gctaaatgaa ataaagtggaa aaaaaaaaaa 1260
aaggaaaaaaa caaaaagcat aaaaaaccac agcaaatttc ttgtatgaaaa ttgaaaataa 1320
aagtttcctt gtatttaaa aaggaaaaaa gaaggaaaaaa aaggagaggg aaaaaggag 1380
gggggagagg agt 1393

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1236 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

gtgggccacc cctaattcact attgcttcct aaaggtat tt tcacccttgc cgccctggta 60
agccctcaca gctttcaga gcaaggactg gactacaagg gcatggctca caaaaggta 120
atggatgggg gttaccttagc cctggctaat tcccccttcca ttcccaactc tctctctt 180
tttgaagaaa aatgctaagg gcagccctgc ctggccccc catccccgc tgtaaatata 240
cactatttt gatagcacac atggggcccc catatctttt ggccttggtt ttgatgtga 300
aatccctggcc ttgggagaga tgccttccag gcagacacag ctgtctgggtt caggccaagc 360
cccttgc aa tgcaaggccct ttctgggtt atgaagtccc tctatgtcg tgcgttccacc 420
agcaactgg gactgtccct tcgacacggc cctgcttga gatttccctga cagggaaaag 480
atttctgtcc attttttcc tgccttgc acgcataattt cctttccctga tgtaaatatt 540
atgatgggtt atcaagacat aagtaaatga gccttctgc ctcacatcag ccctgtgtat 600
aaagccatta ttctctgtat cactgttgc cccagtaact cactttaaa cctctcttcc 660
cagtgttccc tctctccccc cagggccact gcttgaagaa gaatatgtat gtttctatct 720
tgtatgtctg tgccttgc ctggccccc agtgcgtact atggggaaat ctttttagctg 780
ctgttttag actccaagga gtggaaat ttgttggaa gcaaacctga tacaatttgc 840
ccaaaggtaaa cagtttggaa agacaaatgg gcctgccaaa ctgtacagtt tcttcccaa 900
gagctgttag gtatcaaaat gttgtccccc cccccctccg tgctttctg gttgagatca 960
tgtcattgtat gaaactgccaa agtcagggga ggagggcaga gactttgtgt ttacatctgc 1020
atttctacat gtttttagaca gagacaattt aaggcctgca ctcttatttc actaaagaa 1080
aactaatgtc agcacatgtt gctaattgaca gtggattttt ttttaataaa aaaagtttac 1140
agatcaaatg taaaataat atgaatggag tggccttgc ttgttgc tgcgttatac tgagtttca 1200
aaagctttaa gactctggaa acatctgatt ttatgg 1236

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 749 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

ggagatgcag	aggtaaaagt	gtgaggcagt	agtttacttt	tcaaggcatc	ttagcttcta	60
ttatagccac	atccctttga	aacaagataa	ctgagaattt	aaaaataaaaa	aaatacataa	120
gaccataaca	gccaacaggt	ggcaggacca	ggactatagc	ccaggtcctc	tgataccag	180
agcattacgt	gagccaggta	atgagggact	ggaaccaggg	agaccgagcg	ctttctgaa	240
aagaggagtt	tcgaggtaga	gttgaagga	ggtgagggat	gtgaattgcc	tgcagagaga	300
agcctgtttt	gttggaaaggt	ttggtgtgt	gagatgcaga	ggtaaaaagt	tgagcagtga	360
gttacagcga	gaggcagaga	aagaagagac	aggagggaaa	ggccatgt	gaagggacct	420
tgaaggtaa	agaagttta	tattaaagga	gttaagagta	gcaagttcta	gagaagaggc	480
tgggtctgt	gccagggtga	gagctgct	ggaaaatgtg	acccagatcc	tcacaaccac	540
ctaattcaggc	tgaggtgtt	taaggcttt	gctcacaaaa	cctggcacaa	tggctaattc	600
ccagagtgt	aaacttccta	agtataaatg	gttgtctgtt	tttgtaactt	aaaaaaaaaa	660
aaaaaaagt	ggccgggtgc	ggtgctcac	gcctgtatc	ccagcactt	gggaggccaa	720
ggtggggga	tcacaaggc	actagatgg				749

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1251 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36

gtgaccccca	taggcctgag	gcttgtcag	gcagtggcg	tgggtaagg	cttcctgatg	60
ccccctgtcc	ctgcccagaa	cctgatggcc	ctcattagtc	cttggcttt	atcttggaa	120
cacaggcgct	gacagccgtc	ccagcccttc	tgtctgcggg	cctgaaccaa	acgggtccat	180
ggggaaactgt	ctgcacaggg	cggagtcctc	ccctcaactg	agaactcaag	ttagctggac	240
ttcgaagatg	tatggaaatc	ttccatatgg	gtgaatgatt	cctttccaga	tggagactat	300
gatgccaacc	tggaagcage	tgccttgc	cactcctgta	acctgctgga	tgactctgca	360
ctgccttct	tcatcctcac	cagtgtctg	ggtatcctag	ctagcagcac	tgtcctcttc	420
atgctttca	gacctctctt	ccgctggcag	ctctgccctg	gctggcctgt	cctggcacag	480
ctggctgtgg	gcagtgcctt	cttcagcatt	gtggtgcccg	tcttgccccc	agggcttaggt	540
agcactcgca	gctctgcctt	gtgtagcctg	ggctactgt	tctgttatgg	ctcagcctt	600
gcccaggctt	tgctgttagg	gtgccatgcc	tccctgggcc	acagactggg	tgcaggccag	660

gtcccaggcc tcaccctggg gtcactgtg ggaatttggg gagtggtgc cctactgaca 720
ctgcctgtca ccctggccag tggtgcgtct ggtggactct gcaccctgat atacagcact 780
gagctgaagg ctgtgcaggc cacacacact gttagcctgtc ttgccatctt tgtcttgg 840
ccatgggtt tggttggagc caaggggctg aagaaggcat tgggtatggg gccaggcccc 900
tggatgaata tcctgtggc ctggtttatt ttctgtggc ctcatgggtt gggtcttagga 960
ctggatttcc tggtgaggc caagctgtt ctgtgtcaa catgtctggc ccagcaggct 1020
ctggacctgc tgctgaacct ggcagaagcc ctggcaattt tgcaactgtgt ggctacgccc 1080
ctgctcctcg ccctattctg ccaccaggcc acccgacccc tcttgcctc tctgcccctc 1140
cctgaaggat ggtcttctca tctggacacc ctggaaagca aatcctagtt ctctccac 1200
ctgtcaacct gaattaaagt ctacactgcc tttgtaaaaaaa aaaaaaaaaa 1251

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3283 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

ctggcctcag caccttccag aactggttac ctgtaccccc cgccacctcc tgggggtggac 60
tcaccaggttc caggaccaca gacaatggtg gggagcagac tgccctgagc ccccaagagg 120
ccccgttctc tggcatctcc acgccccccgg atgtgctcag tggtagggccgg ggcctgcct 180
gggaagccgc agccactacc aaggggcttgc cgactgacgt ggcgacgttc acccaagggg 240
ccgccccagg cagggaggac acggggcttt tgaccaccac acacggcccc gaagaagccc 300
cacgttggc aatgctgcag aatgagttgg aggggtctggg ggacatcttc caccctatga 360
atgcggagga gcaagctcag ctggctgcct cccagccccc gccaaagggtg ctgtcggcgg 420
aacagggggag ctacttcgtt cgtttaggtg acctgggtcc cagcttccgc cagcgggcat 480
ttgaacacgc ggtgagccac ctgcagcacg gccagttcca agccaggac actctggccc 540
agctccagga ctgcttcagg ctgattgaaa aggcccagca ggctccagaa gggcagccac 600
gtctggacca gggctcaggt gccaatgcgg aggacgctgc tgtccaggag gagcgggatg 660
ccggggttct gtccagggtc tgcggccttc tccggcagct gcacacggcc tacagtggcc 720
tggtctccag cctccagggc ctgcccggc agctccagca gccaatgggg cgggcgeggc 780
acagccctcg tgagcttat ggcatcgtgg cctcagctgg ctctgttagag gagctgccc 840
cagagcggct ggtgcagagc cgcgagggtg tgcaccaggc ttggcagggg ttagagcagc 900
tgctggaggg cctacagcac aatccccccgc tcagctggct ggttagggccc ttgccttgc 960

ccgctggcgg gcagtagctg taggagcctg caggcccggc gcggggtcgc cctgcttgt1020
 ccagggagga gctgcctca gaaacttctcc cccgcggccaa acctggatcg gttccctaaa1080
 gcccctagacc ttggggctg cagctggctg agcggcggagg ggctgcggag gcagtgacct1140
 tcttaactga gccacccac gcccgtccccc gggcctgcct gcatctccca cctccctcccc1200
 agcgctgcct gcccctctcg gagctgggg tcactcagac caccagccaa gagccttccc1260
 ttgaagtccc caagcaagca ctgcaattag gaaagagaaa aagcagcgtg cccagcctgg1320
 aagggcatact gtttgccccg ctagacaaccc ttttatatct agcagggctc ttccagtcc1380
 gcagcacggg ccccccagcta tcagcgggtc aggcaigtgt gtggcatccc aggctccggg1440
 cagctccgtt ctcatgtca aagtgggtct cccggccttag cacacacacc ttgagggtct1500
 taagaaccac attccctcat agtagaaagt actagaaaaa ggcacactgc catcatcatc1560
 ccaaggcagg ctgctactgc ctttgcgtac ccccggggtg gcctcacggg ggggacaaag1620
 ctgccaggag ccacacggc cacagctggg gcttgcacc agcctggctt gagactgagc1680
 agtttgcagg ggggtgggg tgcaaaaaac aagcaaaacag gctgctgctg cctccagctg1740
 cccaccacag gcctgccccca ggcacctggg gctctgaggc ccctggggag gctggggcc1800
 gcagctgcccc ctggagaaca cagacaaagg acttcccccg agggaaactgt gcccctatggal860
 gggatcagac agggctggg acagccacag aggctgcgtg cctatggcac agcccttcct1920
 cccggccaca ctccccctgg gtcctcaggc ccacccaagc gcccggctgc agaggaagcgl980
 gggctgggg ggcgtcaggc atcagagaca ctgggtggg cggacccggc cgccggggcc2040
 cgtgtctca ggctagccca ggtcgtggg gctggcaggc tcaggcggg tgtgagacgt2100
 gccgtggctg cgctcagttcc agcggggagg agccgttcag cccggcctcc ccaggaagcc2160
 atatccccac tcaccccgta agagaacctt gtcgtccctt ttccatgtc tcctaggaca2220
 cgagcccagg aaccccgagac ccagggggag gaagggtgaa gggggcccaag gggtcaccat2280
 gtgcaccagg ggcgtgagg ggcggggca ttcaagtcag ctctgaacctc gggaaagctgg2340
 cacggcaagg actgcctcag gtgacgggccc gtgagagggg acgggtcagg agcctccca2400
 agccttcctcc tcagccccgac acccatggcc atcggaggtt aggtgtccag acacagccat2460
 ttgcagaaat caggcacagt gactgcagct cacgtccagc caaccaagca tggggccgca2520
 gtcaggaag tcccttcccg ccacaccaca gcctaattt tactgggacg gaggcaactc2580
 ggctacgctg ggcaggacga caaacacgag acgccactgt ggaatgagca acttcggagc2640
 acgggggtgac ttgcttggg cctgtccccc gtgacagccc cttatgcaga ggaggaaaga2700
 gaagccccga gtggggagggg aacctgtcca aagtccacacg gtgtgtgggt gacacagctg2760
 gggtgagtcg aggctggccc ctgaggccca tgctccctga acgctggaga ccactgtcgg2820
 ctagcagcgg ctctcaggga aggctggtc tccaccctcc cagcttagcc tcgcggaccc2880
 tcgtctccc cacatcgac ctgctcacct gcctggaccc tgggtgcga gatgcaggaa2940
 gcatcaaacc ccccgccctc gtgggtgcgg ggcaggcgc aggccacaca gcttagatgc3000
 cctggttgt ccctcttgc tcctgggaag agcttgcctc cgcccagctc tcctgccact3060
 ggccttcag gtttgggctg ggcggcaggt gccttttagt cgcttctcac ggtggcctga3120
 tggctcaacc cagtcacaaa cggggccca gacactgccc actgcacccc agctcaggcc3180
 cccactgcac cagcaatgtc agaaaaccaa gccaataaaaaa gtgatttctt tttcattaa3240
 aaaaaagaaa aaaagagaca gaggaagtag atgctggccg ggc

3283

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2720 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

agaaaaatagt ttcaaggaga ccatacgccaa gatcaacttc aaagtttttag attcagaaaat 60
ggtggtgtt gtgacggaca aatggtcccc gtggacctgg gccagctcg tgagggctt 120
acccttccac ccgaaggaca tcatggggc attcagccac tcagaaatgc agatgattaa 180
ccaatactgc aaagacactc ggcagcaaca tcagcaggg gatgaatcac agaaaatgag 240
agggactat ggcaagttaa aggccctcat caatagtcgg aaaagttagaa acaggagaa 300
tcagttgcca gagtctataat atttcttat gtgggtctta tgcttccatt aacaaatgct 360
ctgttctcaa ttagtcaattt tttagcaaaag aaacttgc tttaccaagg ggaattactg 420
aaaaaggtga ttactcctga agtgagttt acacgaactg aaatgagcat gcattttctt 480
gtatgatgt gactagcact agacatgtca tggtcctcat ggtgcatata aatatattta 540
acttaaccca gatTTTATTt atatTTTAT tcacTTTTC ttcaaaatgc atatggggc 600
tgcaaaacta gaattgttgc atccctcaat tgaatgggg ccataccct gtggtatcc 660
tttcctgtt tggggcttta gaattctaat tgcgtgtat tttgtatgt aaaacaagtt 720
ccaaatccac agctttacg tagtaaaagt cataatgtca tatgacagaa tggctatcaa 780
aagaaataga aaaggaagac ggcatttaaa gttgtataaaa aacacgagtt attcataaag 840
agaaaatgt gagttttat ggttccatg aaatatgtt gggtttttt aagattgtaa 900
aaataatcag ttactggat ctgtcactga cctttgtttc cttattcagg aagataaaaa 960
tcagtaacct accccatgaa gatatttggt gggagttata tcagtgaaagc agtttgggtt 1020
atattcttat gttatcacct tccaaacaaa agcacttact tttttggaa gttatTTTAA 1080
ttatTTTAA ctcaaagaat ataatcttc actactcagt tattactgtt tttttttttt 1140
ttccctagtc tgcgtggcaa attaaacaat ataagaagga aaaatttggaa gtattagact 1200
tctaaataag gggtaaaatc atcagaaaga aaaatcaaag tagaaactac taatTTTTA 1260
agagaattt ataacaaata tggcttagtt tcaacttcag tactcaaatt caatgatct 1320
tcctttattt aaaaccagtc tcagatataca tactgattt taatgtcaaca ctatataattt 1380
tatgatctt tcgtgtgtt ggcaagggtgc ttgttatgtc tagaaaagttt gaaaacaata 1440
tgaggagaca ttctgtctt caaaaggtaa tggtacatac gttcactggc ctctaagtgt 1500
aaaagttagta aattttgtga tgaatTTTAA aattatctcc taattgtatg ttggataata 1560
tttatttagaa taatttcata ctgaaattat ttctccaaa taaaaattttt atggaaaaat 1620
gtaaaaaaaaa ttattcatgc tctcatatat atttttttttt cactactttt gcttttttat 1680
ttaccttttta agacattttc atgcTTCCAG gtaaaaaacag atattgtacc atgtaccta 1740
tccaaatatc atataaacat ttattttata gttataatac tatgtatgaag gtaattaaag 1800
tagattatgg ccttttaag tattgcagtc taaaacttca aaaactaaaa tcattgtca 1860
attaatatgt attattaatc agaatatcag aatatgattc actattttttt ctatgataaa 1920
ttatgataat atatgaggag gcctcgctat agaaaaataa gttaaaatgc tgacataaca 1980
ccaaacttca ttTTTTAAA aatctgtgt tccaaatgtg tataattttt aagtaatttc 2040
taaaggcgtt tattataatg gtttgcctgc taaaaggta taattttttt tctttttct 2100
tctacattga cacacagaaa tgcgtcaatg taaaaggccaa accatcttc gttttatgg 2160
ccaaatctatt ctcaaaggta aaagttttt tgcgttccag tcacagttcc tttttttca 2220
cataagccca aactgataga cagtaacggt gtttagttt atactatatt tgcgttattt 2280
aatttttttctt attttcacaa ttattttttt gtttgcactt tcattttttt taaaatgt 2340
gaaatttttc atgaacataa ctctgcgtaa tgcgtttttt gttttttttt caaaaatgt 2400
gttaatgtat actactgggt gtttgcgtttt tttttttttt gttttttttt gttttttttt 2460
cttaatatctt attccatttgc tattttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 2520
agtgtaaatgtg tgcgtttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 2580
ctgtgttaaga aaacaaacta aatgtttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 2640
aatcattggc ctggccaaat aaaacatgtt gttttttttt tttttttttt tttttttttt 2700

gaggggagaa ggaaggaagg

2720

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1036 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

gccggccgccttttaacc cccttccctt ccttttttc tggctgaa tgatattta 60
ttagcttgat aatttgggcc tgccttagc attaataagc ttcagcacta gtcacaagac 120
ttcattcac tggggggaa acttcttgt ttaaaaaat gcaattcaag aaagggcatc 180
tattcttgg gggctgcgtt gacagcaggg ttctcttac gggatgggg aatgggtgcgc 240
tcagggccag agacctgtt ctttggtcca ttcacagtga ggaccccattc agatgacagg 300
gatgaagtaa tggtgagagg gtctacatca gctgggatcc ggtatttcct gtggactcc 360
ctggagatga aaccatgttc atcctggcgc tcttcatgtt ttccatgcac ctcaatcaca 420
tctccaaaca ccttaactt gagtcctt gggagaagt gcttcacatc caggttgaca 480
gagaacctgt ctttctccag gcgcattctt gagagtccag tgtcaaaccatc gctgggtgcc 540
cgccaggagg agggtggccg aaggtagaag ggactcaggg aagttagacgt cggaaaaga 600
tcagactcca acagggtgtc tccgaagaac tggtaaaaga ggcggctggg ggagtggaaa 660
ggaaagaagg ggcggcggat ccaggggtgg tggatggcga tgcctatggt ggcttaggtga 720
gtgtgagggg tcagctggcc tggctcagtc cttcagctgc agctacagcc agcccccttat 780
atatgcagtc ttgtgaagct tcttggatgg tgatgtcagg ggtttttatta tccttagctca 840
ccagcgttc atggagactt gtgatccggg atttggcaat gtgacacata cccagtaactc 900
actgagctaa gaaaagagag acacaaacac gtctgagccg gccagtact tgcgtatggc 960
ttgtttcaact agtttctgt ccacacccaa tggcacccac ccccacccct gttctctgaal020
gctggtagtac agtcag 1036

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2659 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

acccacgggg ctgcccctcc ctgcgcactc ccctcgctgc cggggccccgg agcgcagtg 60
ggccgcacag attcacaatg ttgaaagccc ttttcctaac tatgtctgact ctggcgctgg 120
tcaagtcaaca ggacaccgaa gaaaccatca cgtacacgca atgcaactgac ggatatgagt 180
gggatcctgt gagacagcaa tgcaaaagata ttgatgaatg tgacattgtc ccagacgcctt 240
gtaaagggtgg aatgaagtgt gtcaaccact atggaggata cctctgcctt ccgaaaacag 300
cccagattat tgtcaataat gaacagcctc agcagggaaac acaaccagca gaagggaaacct 360
caggggcaac caccgggggtt gtagctgcca gcagcatggc aaccagtggta gtgttgcgg 420
gggggtggttt tgtggccagt gctgctgcag tcgcaggccc taaaatgcag actggccgaa 480
ataactttgt catccggccg aaccctcgatc accctcagcg cattccctcc aacccttccc 540
accgtatcca gtgtcagca ggctacgagc aaagtgaaca caacgtgtgc caagacatacg 600
acgagtgcac tgcagggacg cacaactgta gagcagacca agtgtgcatac aatttacggg 660
gatccttgc atgtcagtgcc cctctggat atcagaagcg aggggagcag tgcgttagaca 720
tagatgaatg taccatccct ccatattgcc accaaagatg cgtaaataca ccaggctcat 780
tttattgcca gtgcagtctt gggttcaat tggcagcaaa caactatacc tgcgttagata 840
taaatgaatg tgatgccagc aatcaatgtg ctcagcagtg ctacaacatt cttggttcat 900
tcatctgtca gtgcaatcaa ggatatgagc taaggcgtga caggctcaac tgtgaagaca 960
ttgatgaatg cagaacctca agctacctgt gtcaatatacg atgttcaat gaacctggal020
aatttctatg tatgtgcccc cagggataacc aagtgggttag aagttagaaaca tgtcaagatal080
taaatgagtg tgagaccaca aatgaatgcc gggaggatga aatgtgttgg aatttatcatgl140
gcggcttccg ttgttatcca cgaatccctt gtcaagatcc ctacattcta acaccagagal200
accgatgtgt ttgcccagtc tcaaattgca tggccgaga actggcccag tcaatagtct1260
acaatatacat gagcatccga tctgataggt ctgtgccatc agacatctt cagatacagg1320
ccacaactat ttatgccaaac accatcaata ctttcggat taaatctgga aatgaaaatgl380
gagagttcta cctacgacaa acaagtcctg taagtgcata gcttgcgtc gtgaagtcat1440
tatcaggacc aagagaacat atcgtggacc tggagatgct gacagtcaac agtataggal500
ccttccgcac aagctctgtt ttaagattga caataatagt gggccattt tcatttttagt1560
cttttctaag agtcaaccac aggatttaa gtcagccaaa gaatattgtt accttaaagc1620
actatttat ttatagatat atctagtgc tctacatctc tataactgtac actcacccat1680
aattcaaaaca attacaccat ggtataaaatg gggcatttaa tatgtaaaga ttcaaagttl740
gtctttatta ctatataatgaa attagacatt aatccactaa actgtcttc ttcaagagag1800
ctaagtatac actatctgtt gaaacttggta ttctttctta taaaagtggg accaagcaat1860
gatgatcttcttgc tgggtgtttt aagggaaactt actagagctc cactaacatg ctcataaggal920
ggcagccatc ataaccatg aatagcatgc aagggtaaaga atgagttttt aactgccttg1980
taaaaaatg gaaaagggtca ataaagatat atttctttag aaaatggga tctgcccata2040
ttgtgttgggt ttttatttc atatccagcc taaaggtggc tgtttattat atagtaataa2100

atcattgctg tacaatatgc tggtttctgt agggtatttt taattttgtc agaaaatttt 2160
gattgtaat attttgtaaa aaacagttaag caaaatttc cagaattccc aaaatgaacc 2220
agatatcccs tagaaaatta tactatttagg aaatctatgg ggaggatatg agaaaataaa 2290
ttccttctaa accacattgg aactgacctg aagaagcaaa ctcggaaaat ataataacat 2340
ccctgaattc aggacttcca caagatgcag aacaaaatgg ataaaaggtt tttcactgg 2400
gaagttttaa ttctctaagta aaatttaat cctaacactt cactaattt taactaaaat 2460
ttctcatctt cgtacttgat gctcacagag gaagaaaatg atgatggtt ttattcctgg 2520
catccagagt gacagtgaac ttaagcaaat taccctctta cccaaattctta tggaatattt 2580
tatacgctc ctgtttaaa atgtcactgc ttactttga tgtatcatat ttttaaataa 2640
aaataaataat tcctttaga 2659

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2939 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

tttttttttt ttttttttgt ggtaataaaaa ttttgtcaat tttttaaaaa gctgattcca 60
tttcttcaca cagttaagta cgtttcttgc ttgtttgtt aaagccatt tcataaagat 120
gagttggctc tgtgagacca tcactgataa agacacatac agttagcacc acacatttt 180
aaatgcagat agccacaatg acctttccaa tatgtacaag ctccatttac acatccacac 240
atgtatttac agctaataaa taaaatgtaa agccagaaca tccttgatat atataacaaa 300
gttttcgga gccagagttc ccagtgcstat gtgctgctt agtgaatctt ttaagttat 360
gcaccctggg tcacaaccac aatccagaaa tttatgaat taataaaggg gatgccaaca 420
acaatcata catcatttttta ttttagaga gaattcattc caagcctgat gatgttaatc 480
acaacattgg tcctactatt tataggcactg atcatctctc tcagagaaag ggtcgaagtt 540
ctggcacatc aggaacaatt tctactccga catgttccaa tacatccctt gatcgactgt 600
tttcccttcc gaattatgtt gaaggacaac acacatgcag agctttctag tatgtgtca 660
gatatcacat actttcacag tcgggttccc agctatagcc tcttagatat ttgacatctt 720
tatcatttca tattttatacg tagaagagca ttctgaaaaaa taggagatct agtttataaa 780
tagtgttca ctcactcttg attagttgtt aaaaacaaca aatagcaacc ctcatggta 840
tccatctggc tcattgcacg cgatggttta caagcactgc ttagaatcc accccagggaa 900
cctctccacc cttttactta gtaaaaaacgg tccttgcata aaatctgttag aagctcacac 960
aatgcacaaat ttgaactcaa acctatctt tcatgtcaaa gccaggaaca aaagagacgc 1020

actggaagta caactgaagc atgaccaagg taaggctaaa actgaagagt aactgtcagal080
tattgaatga ttttaaattt atgaaaatca ttggagaat ctaataataa aattacggtt1140
tctttttttt tttctgcacc attcaaatta tgtgtcagct gaggattaca ggctcattt1200
caacacctac ccagagaaca ttattataat ataatcttga gacaaaaaag aagggggagal260
gaggattaa gcaataaaacg ataaagccta ttaagaatta attgatctag attttatatcl320
tccttgaatt tgtaactttg tcatgtatgc gcgcattgtt agggactgtt taaaacctct1380
tgttttatca gacccttct tcgtccctct ccaagttaca tgttcctgtt tgacgtctgg1440
accacattcc aatagcaaga gggatcatt ctAAAACATC attcatactg ctgtgttagat1500
gagtctgatt cgtgcccg 3aaAGCATT tctgtattct tggagactt gagtaaagtt1560
tgagaaggcc tcagtccgaa agatccagaa ttccaattaa aataggaggt tctaaccat1620
tataggctat gcccataac gccacatgaa ggacgcctt tttactctgc gctcaaacaal680
ttatttctt ctcAAAGGAC 3aaACAGCAC ttttcatgtat ccactgtctt ttaacgttgg1740
aggatgtgct atttggccac tataccccat aaattgaatt agccacttt tagtgcttgal800
gactgtctcc taaaataact aacaagggtt gggctggat taatattcag gaaaatccac1860
ttttgaaaca ccccaaacac tgggtatgtt ttgtaaaagt tactctcc acttcattct1920
tcacagaatt cacatgccgt tcttgttct gtagattcgc ccagttcag cctgacttct1980
tattcagaga cttgtcatgg catttcacaa ataccgcagg tgcctttctt ttctgcaaat2040
gagacacttt ctccctagaa cagaagatca ctttttctg agtctctctt gctttactc2100
tgatcttctg aatggcgaag ccggactgc tccaccagtc tgaccagctt aagtatgaat2160
caacttcca tttgagctt aacatgagta gttctccaat atctacctct gtgtaaatta2220
ggaaggagta ggtcttattt gtggaaactt cagggcagat gaatgggatg ttctcactct2280
cgccacggc gcccatacaga gaaatctcaa aggcttgatt ggtatgggtt tcactctcag2340
tcccagaaaa atgaatctt acttggtaat ggaagacttt gttagggcattc tgagaacgag2400
tcttcaggta cattttgtt cttctttgg ctctgacttt attgatctca tagcccagat2460
tggtcagcg gttcttctt caactcaagc agagccctt ctcaaggct tccttggAAC2520
tgcacctgtt ggccttactt ggattttctt cattcaacag agatgcgtt aagagatgaa2580
tggagcgtc gtgggagcac ttcaactagct ggtccacatc tccaagtctt ctctctgcaa2640
tcacgcggat agttctcca atgttacatc ctggctgaaa agtacctcca ttcgggtaaa2700
tgtcaacatg cccaaactgtt ttctggattt caatgcttgc accaggggac cctctgggtgaa2760
atgtgtgtaa gacgtctaca aaatctgtat catcaggaga aagacgactc ggggcttctg2820
catactcaaa gtttaggttca gctggatcga ggccagtaat tctgttgaac tttcttattt2880
gtcagacttc ctgcaatgcc agcagcatgg gctccaaggc tgtatcccaa gagatggac 2939

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3670 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42

gcatcgccat gacgccgccc aatgccaccg aagcctccaa gccccaaaggc acaacggtgt 50
gtcctccctg tgacaacgag ttgaaatctg aggccatcat tgaacatctc tgtgccagcg 120
agtttgcact gaggatgaaa ataaaaagaag tgaaaaaaaga aaatggcgac aagaagattg 180
tccccaaagaa gaagaagccc ctgaagttgg ggcccatcaa gaagaaggac ctgaagaagc 240
ttgtgtctgt cctgaagaat ggggctgact gtccctgcca ccagctggac aacctcagcc 300
accacttcct catcatgggc cgcaaggtga agagccagta cttgctgacg gccatccaca 360
agtgggacaa gaaaaacaag gagttcaaaa acttcatgaa gaaaatgaaa aaccatgagt 420
gccccacccct tcagtccgtg ttaaagtgtat tctcccgggg gcaggggtggg gaggggagcc 480
cgggtggggt gggagcgggg gggacagtgc cccggaaacc cggtgggtca cacacacgca 540
ctgcgcctgt cagtagtggc cattgtatac cagtcggctt gttttgcag cattcccgct 600
cccttccctc catagccacg ctccaaaccc cagggtagcc atggccgggt aaagcaaggg 660
ccatttagat taggaagggtt ttaagatcc gcaatgtggc gcagcagcc ctgcacagga 720
ggaggtgaca aaccatttcc aacagcaaca cagccactaa aacacaaaaaa gggggattgg 780
gcggaaagtg agagccagca gcaaaaaacta cattttgca cttgttggtg tggatctatt 840
ggctgatcta tgccttcaa ctggaaaatt ctaatgattt gcaagtcaag ttgtttttag 900
gtccagagta gtttctttct gtctgttta aatggaaaca gactcatacc acacttacaa 960
ttaaggtcaa gcccagaaag tgataagtgc agggaggaaa agtgcagtc cattatgtaa 1020
tagtgcacgc aaagggacca ggggagggc attgccttct ctgcacccag tcttccgtg 1080
tgattgtctt tgaatctgaa tcagccagtc tcagatgccc caaagtttgc gttcctatgal 1140
gccccggca tgatctgatc cccaaagacat gtggaggggc agcctgtgcc tgccttgcg 1200
tcagaaaaag gaaaccacag tgacccctgag agagacggcg attttcgggc tgagaaggca 1260
gtagtttca aaacacatag taaaaaaaga aacaaatgaa aaaaatttta gaacagtccal 1320
gcaaattgtc agtcagggtg aattgtgaaa ttgggtgaag agcttaggat tctaattctca 1380
tgtttttcc tttcacatt ttaaaaagaa caatgacaaa caccactta ttttcaagg 1440
ttttaaaaca gtctacattt agcatttgaa aggtgtgcta gaacaaggc tcctgatccg 1500
tccgaggctg ctcccccagag gacccagctc ccccaaggcat ttgccaaggg aggccgattt 1560
ccctggtagt gttagctgtt ggcttccctt cctgaagagt ccgtgggtgc cctagaacct 1620
aacacccctc agcaaaaactc acagagctt ccgtttttt ctttctgtt aagaaacatt 1680
tccttgaac ttgattgcct atggatcaaa gaaattcaga acagcctgccc tgcctcccg 1740
caactttac atatatttgt ttcatttctg cagatggaaa gttgacatgg gtgggtgtc 1800
cccatccagc gagagagtt caaaagcaaa acatctctgc agttttccc aagtaccctg 1860
agatacttcc caaagccctt atgttaatc agcgatgtat ataagccagt tcacttagac 1920
aactttaccc ttcttgcaca atgtacagga agtagttcta aaaaaaatgc atattaattt 1980
cttcccccaa agccggattc ttaattctct gcaacactt gaggacattt atgattgtcc 2040
ctctggcca atgcttatac ccagtggaga tgctgcagtg aggctgtaaa gtggccccc 2100
gcggccctag cctgaccctt aggaaaggat ggttagattt gttactt gaagactcca 2160
gtataaaaat cagcatgccc gcctagttac ctaccggaga gttatcctga taaattaacc 2220
tctcacagtt agtgcatttgc tcctttaac acctttttt tgggttctc tctgacctt 2280
catcgtaaag tgctgggac cttaagtgtat ttgcctgtaa ttttggatga taaaaaaatg 2340
tgttatataa ttagctaatt agaaatattc tacttctctg ttgtcaact gaaattcaga 2400
gcaagttcct gagtgcgtgg atctgggtct tagttctggt tgattcactc aagagttcag 2460
tgctcatacg tatctgtca ttttgacaaa gtgcctcatg caaccggcc ctctctctgc 2520
ggcagagtcc tttagtggagg ggttacctg gaacatttgc agttaaccaca gaatacggaa 2580
gagcaggtga ctgtgcgtg cagctctca aatggaaatt ctcaggttagg aagcaacacgc 2640
ttcagaaaaga gctcaaaaata aattggaaat gtgaatcgca gctgtgggtt ttaccaccgt 2700
ctgtctcaga gtcccccaggac cttgagtgtc attagttact ttattgaagg ttttagaccc 2760
atagcagctt tgtctctgtc acatcagcaa tttcagaacc aaaagggagg ctctctgttag 2820
gcacagagct gcactatcac gagccttgc ttttctccac aaagatctca aaaaaaccacaa 2880
tgtgcagact gattggcctg gtcattggtc tccgagagag gaggtttgccc tgcattttcc 2940
taattatcgc tagggccaag gtgggatggtaaaagcttta caataatcat tctggataga 3000
gtcctggag gtccttggca gaactcagtt aaatcttgc agaataatttg tagttatctt 3060
agaagatagc atgggaggtg aggattccaa aaacatttttta tttttaaaaat atccctgtgt 3120
acacttggct cttggtagct gtgggttagc atcaagttct ccccaaggta gaattcaatc 3180

agagctccag tttgcatttg gatgtgtaaa ttacagtaat cccatttccc aaaccta 3240
 tctgttttc tcatacgact ctgagtaact gggtgctgtg tcataacttc atagatgca 3300
 gagggctcagg tgatctgtt gaggagagca cccttaggcag cctgcaggga ataacatact 3360
 ggccgttctg acctgttgcg agcagataca caggacatgg atgaaattcc cggttccctct 3420
 agtttcttcc tgttagtactc ctctttttaga tcctaagtct cttacaaaag ctttgaatac 3480
 tgtaaaaatg ttttacatc catttcattt gtgttgttt tttactgca ttttaccaga 3540
 tttttgtatg ttatcgctt tgtaatagt aattccccgtt cgtgttcatt ttatccat 3600
 gcttttcag ccatgtatca atattcaattt gactaaaatc actcaattaa tcaataaaaa 3660
 aaaaaaaaaa 3670

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1025 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43

ctttaaccag ttatccacag tgtgctcatt cgttcagaaa ttagatacaa aatctcaaga 60
 cctgttacta ctgattttat taaatcagag tctttaatc ttgcattttt gtatctaatt 120
 tctgaacgaa tgagcacact ttaaccagtt atttacagtt accttttcc tttaccgga 180
 ttgtgaaagc ttcatgtatt ttaattttaga ttctgtgtt ttaagggttc tgagcatgaa 240
 gctggcagat agtcggcagg actcattttt tcatcatggc tggctgattt ctccatagat 300
 tgataacagt attttgttat cttgttctc tgttagttt catcagctgt ttaactttga 360
 gctgagttag gggagagggg taaagagaaaa gaaacttaag ttttcttca cagaactcca 420
 ccattgtggg cttttagaaaa gcccataaagc attgtaccta gtggtaacca gtgacttcca 480
 accaaaggct ttgagtatgc actaaatagg tgagaagaaaa ggagagaagg ttttttaggti 540
 agaaacctt aaccgataga aggatatggt atgttgtaaa gctggaacca agtttgcat 600
 tttgagggtc tgagatgaag ggaagactct taccagatag taagacagct gagtttcc 660
 cagtttctc gtcttaacac tagtgacaa ttcttagcatt ttgttgttggag gatttcagag 720
 ttaacctcat ggaattcagg atttttttagc aagtttgcctt ttgggtttat cttggcttt 780
 agtaatcatg ttggctggc tggtcacagg tgactgtgaa acagatgccc tggcttgct 840
 ttcatcactc taggatcatg aagtgcatac ctatccctg gttatgaata ttaagggttg 900
 aattacattt ttattgtatg tttggatcag agctcagttc ctgtagaaaa cgaactgtaa 960
 aagaccatgc aagaggcaaa ataaaaacttg aagtgaatgc taaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaa 1020
 aaaaaa 1025

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 538 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

ccaggaggct	gtgaggggga	aatgttctt	ttggccactg	tgaaggctca	ggaaggggct	60
cggattgctc	aaggaccat	gggagagagg	aggctttgac	tggctgcct	gcctgtgagg	120
tctctggact	agagggtccaa	cgcagtccag	ctgacaagga	tggataacgc	catgaagtcc	180
cttagccttc	tctaccccaa	gtccctctcc	aggcatgtt	cagtgcgtac	ctctgtggtg	240
acccagcagc	tgctgtcgaa	gcccagcccc	aaggccccca	gggcccggcc	ctgcccgcgta	300
agcacggcgg	atcgaagcgt	gaggaaggc	atcatggctt	acagtcttga	ggacctcctc	360
ctcaaggtcc	gggacactct	gatgtggca	gacaaggcct	tcttcttggt	gctggaggaa	420
gatggcacaa	ctgttagagac	agaagagtac	ttccaagccc	tggcagggga	tacagtgttc	480
atggtcctcc	agaagggca	gaaatggcag	cccccatcag	aacaggggac	aaggcacc	538

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 360 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

gccacgggtc	cggccacggg	tgcggccacg	ggtccgacaa	tagtatgcag	ctaaaaaata	60
attgtatgtc	tttatatact	aatatgtaat	aatcttcagg	tgaaaaaggc	aagccacaga	120
aatgtgtata	gcgcaactcc	catttgtt	tcaagaaagga	gtagaatata	aacacataat	180
tgcttatgtt	tgccttattca	gaataaatgg	gtaacactga	ttacttttgg	gaggggaacc	240
atgttagttga	ggacaggaga	gggaagggtc	ttaacactta	cacccttttgc	tacattttga	300
attttgaacc	atgtgactgt	attacctatt	caaaataaac	aataaatggg	cccaaacagg	360

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: Basenpaare
- (B) TYP: 2192 Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48

gaggcctgct	cccacaccct	ctccctgtcca	gccctcgccc	gcctgggcag	ggcccgccgc	60
cgtccgtgga	tgagccacag	aacctttcc	accttccgag	cggagagaag	tttccattcc	120
tcttcctctt	cctccctccgc	tgccacctcc	tcctcgccct	cccgtgctct	cccgccccag	180
gaccggccca	tggagaaggc	cctgagcatg	ttttccgatg	acttggcag	tttcatgcgg	240
ccccactcgg	agccccctggc	tttcccagcc	cgccccgggt	gggcaggcaa	catcaagacc	300
ctaggagacg	cctatgagtt	tgcggtgac	gtgagagact	tctcacctga	agacatcatt	360

gtcaccacacct ccaacaacca catcgaggtg cgggctgaga agctggcgcc tgacggcacc 420
gtcatqaaca cttcgctca caagtgccag ctgcccggagg acgtggaccc gacgtcggtg 480
acctcggttc tgcgggagga cggcagcctc actatccggg cacggcgtca cccgcataca 540
jaacacgtcc agcagacattt ccggacggag ataaaaatct gagtgccctc cccctccct 600
ccccctgtgcc ccccgccccca cgccctggccag caaagcctcg ctaaccccat tacaacagct 660
ccaggacatc tcagccccagg ttctagcccc cacgcaccccc agaccccaagg tggaccatcc 720
ccccaaacta gggccctcca ctctatccag ggacggccag ggactccctg gctgacaca 780
tgtatggcccg atttcagatt tggcccttgcg cacttaatcc agagtagcagg ggctggggtc 840
agggaaaggaa gatctaaaga accsactgtg ggtcagggga atgggaccag caggacataat 900
gggcaagctc tgcaggacag acaggcagac aaaccctctg atctatgaag tctctgcagg 960
jcaaggggac caggacactg gaaccctctt ggcacagggg agtgggagag acagagggaa 1020
ggtcacaggg aagggtgcct atctaagtgg aactaattgc ccgagggttc acaaaggccal 1080
agaggagaca gccgtgacgg taaaactccc ctctaccagc ctccaaqcsc cacgcccagcgl 1140
agcaggctgc ctgccccacc cgtgccccca gccagctggc tgcaggccagg cagagccatg 1200
ccacatctgt atatacatgtt ggttttccaa atacagctgg ttcgtgataa actgcatgaa 1260
actcctggccg tccctgcgcct gctggggcct ccaggcaagg ccacgtgggg ttgggggtgg 1320
ggctggctt tctccctccc acaggcctgt gttcttgggg ctgctcccat gcagacaggal 1380
tcacctaaca gagatggaaag ccaggccatg gatggggcctt tgggtccctcg agttggacc 1440
ccagcttctt gccaccccttcc cctccggca gtcaagcttc catccatccc cctctttaat 1500
ctatgaatct ataggctcggt tggtgtaaac acacacaccc ctatcggtt cttcaaatl 1560
ctcagcatta ccattggttg aggccaaattt cagagcttcc tcaaattcaga ttacaatct 1620
ccattttcat taacggggaa acatccccga gccactgagt gctgtgctt gtcactgaagl 1680
gttagatctg aaccctgggt gtcaacagct gctctcaact ccccacctt gggcaactgagl 1740
gagtatttcc cctcattctt cctctctaag gctatgcacc cttcccccacg tttccagct 1800
gggggatggg gggagtctata gaaaaagccc ccatctccca tctggatag ggaccttccal 1860
tcagccttaa ccctggggaaa tgcctgctgc ccccagttag tcttggttc gtcctccacal 1920
tacagaagca gggtggaggg gaagggtggg tctcagttttag caggggtccc cagggcaagt 1980
cagcctcctc cttccatgcc tctctgtca gtgtgcctt gggtggccctc tcactcccac 2040
cactctgggc cccttgggggg aggactgggg agggggccgt gggagagccc tgacgtggaa 2100
acctgtatac acaataaaagg acagtctcac agacaaaaag aggccgcctg cggagttct 2160
caaactttagg gcagggcctt acttgagaga aa 2192

2192

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 2952 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iv) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

tgcggatgc	cggccggcag	cagcatcatg	gctcacggc	ccggcgcgct	gatgctcaag	60
tgcgtggtgg	tcggcgacgg	ggcggggc	aagacgtgcc	tactcatgag	ctatgccaac	120
gacgcctcc	cgaggagta	cgtccccacc	gtttcgacc	actacgcagt	cagcgtcacc	180
gtggggggca	agcagtacct	cctaggactc	tatgacacgg	ccggacagga	agactatgac	240
cgtctgaggc	cttatctta	cccaatgacc	gatgtcttcc	ttatatgctt	ctcgggtgta	300
aatccagcct	cattcaaaa	tgtgaaagag	gagtgggtac	cggaaactaa	ggaatacgc	360
ccaaatgtac	ccttttatt	aataggaact	cagattgatc	tccgagatga	ccccaaaact	420
ttagcaagac	tgaatgatat	gaaagaaaaa	cctatatgtg	tggaacaagg	acagaaaacta	480
gcaaaagaga	taggagcatg	ctgctatgtg	gaatgttcag	ctttaaccca	gaagggattt	540
aagactgttt	ttgatgaggc	tatcatagcc	attttaactc	caaagaaaaca	cactgtaaaa	600
aaaagaatag	gatcaagatg	tataaactgt	tgtttaatta	cgtgagaaac	atcttcagtg	660
gccaaggaaa	ctgtccattt	ctctcagaaa	gcaaattgaaa	tgctacagct	ataccccagac	720
cttttatagg	taatgaagca	gttcaaaact	tgaaagaaaa	caaaccctgt	cctcagaatt	780
ctataaagtg	tattaagaat	gttccttaaa	gtttaagaa	gcagtaagca	gcatctgaag	840
ccacaatcta	ttataaatac	tttatttcaa	ctagaaggta	caatctctca	ggggtttcat	900
agtttaaaaaa	gctacaatca	catcatgtt	taactacgta	aaaaacagag	ctgtaaatgg	960
aactgcttgg	cttgaccat	acacatttct	gcccagccct	tacagaatct	gcacaaaaga	1020
atatctccct	ttgctccagt	taattttct	tgtatgttaag	ttgctttcta	ttccagttata	1080
tccagagtgg	tgaataaaca	aggccagcca	cgtagccaa	ggtcgcctca	agcgtacagg	1140
agatgggcca	tacctgagga	gagaatgtat	gagatcaaaa	aagaacaaat	gttttattat	1200
tacttgagca	caagtgtaac	ctaaatattt	ctatattaaa	gcttaatgtg	cttcttaaa	1260
gaatgccaaa	agtgtataaa	ggtcataact	gcatttatca	tgaacactaa	aatgtacac	1320
attttagtta	atgtgcatta	aactgtaaaca	aggcttctgg	caatttgtaa	tttagtttgaa	1380
cgctccccaa	agtgcattgag	acacatgcta	aaattacaaa	ttaaaatttt	gggtcagact	1440
ttgcataat	gatagactca	attagctct	ctgaactagt	tggtaatttt	tttttttaa	1500
ttcccacttt	ggctgtgtac	atcaaattgaa	atgagaagtg	tgtatgtctg	ccaaaccacal	1560
agaaacttcc	ttaaagtgt	gtttaaagagg	aaagacctag	aatccaagcg	tgttacatgal	1620
aaattgttaac	agagcagctg	cttccacccct	tcagatatag	atgttggaaac	cacagcagaal	1680
gttata>tagc	gacaacttat	atacacacct	agaatgttaag	ttaaacaaaa	taccggcttc	1740
cagagacccc	tttctccag	ccatattaca	tcaggctaga	agtaattaat	gttgatttat	1800
ttcatctaca	agcagttgg	cccttaagtga	aggctctgc	ttgaaaaaaa	aaagaaaaaa	1860
aagttggagg	aaaatttca	tgttctctg	tgaagcttat	ttggtacact	ggagccattt	1920
ctaatcttcc	tctgggggg	acaggccaca	gaactgtgtt	agaggtgaac	catcttaatt	1980
actagttcta	ttacctaatt	cagcttccctt	gtttggctg	ctgtggatct	gccttattgc	2040
atatgccatg	catcagataa	tggatgcata	agataatgg	gttagacaaa	gttcattgt	2100
gaacaaccta	atgcatttt	gagaaacaaat	ctcatcacat	ttttcttagc	cttcctaca	2160
ttaaacttgc	ctgtgccc	aattataatt	ttttaaatgt	cttgggtgg	cttctgttaa	2220
ttcacatgac	ttgagctt	agctatgtct	actgcacaga	ttgggtatg	gaacactaaa	2280
ctttatact	tgaaaatgac	agccttaaat	gctcatatca	gtcacaaaatc	taggtatgtac	2340
tgtctgttg	tatgtgagct	ttgttagagat	ttttaaaaat	ataagcatca	ccttccatt	2400
gaagagtgga	gagagtctac	ttggatgactg	gccaggaact	ttctctctga	atcgacatt	2460
ttggatgtctt	cttcttcca	agaaaatgg	gttcacatta	aagtatcatg	gccttatgt	2520
tgctcaaata	gaatcttat	taacttctt	attaaatttt	ggtctgctt	tttttagata	2580
aaattgtaaag	gaattgtata	aatcaattaa	catattagct	gagttgtcca	acacatggta	2640
taaacgaatt	acaacagtaa	actattacac	atttccaact	tgccttggg	gatttatgag	2700
gattttttt	ggtgggggg	gggggcctca	attcataatct	ctgaaaaccct	tcacacttg	2760
tttactaatt	caaagttaga	agtctagaat	ttgccttgcc	ctaacagaaa	cagatttagga	2820
atttgcctac	acaaaactggt	gtcacctgtt	tcttgactgg	gatttgggtt	cctcattata	2880
aatatgggag	gtagaacaga	gatctccaac	gtctctccca	tttatcacag	taattttctt	2940
attcacagta	at					2952

2952

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 615 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

gcaaggatgg tctcaatctc gacccgtga tccgcccacc ttggccccc	aaagtgttgg	60
gattacaggc gtgactcacc atgcccagcc acttagttt ttcttattcc	cacctttcta	120
tcccatagaa cactctttt tatctccct gaaccatatt gatgagataa	atagggctgg	180
gggctgggcc ccgctggtca ctcaaacagag tatttccctt ggccgagatg	gaagtttgt	240
cccaatagat gagctgtga gtatccaaca ggtgacattt ttctgtgcc	catttgttc	300
ctggagacgg tggtacctg aaggcagagg ccagctgccg caagacagca	atgacagtc	360
acctgcccac ctgattccctg catcatggaa taaccacatg gctaccttct	atcctctgtt	420
cccaaatggt ggtggcactt atcctgaagt cgtcaatgat ttcccttta	aactactta	480
ttttactaat ttaaactatt ttgtactgat gtggccctga ggttagttcat	aaaaatgttg	540
tgcactcatt ccatgaaata aatgtggaa agctgatctt ttctgtatata	aaatgttgaa	600
tgataaaaaaa aaaaaa		615

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1488 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51

ttttactgac cttgctagaa gtttacagca aggaagtgc ggaacatttc acaaatctac 60
aatctgtgag tttcacatcc tgtatacgtaaaacactgg aataaggaag ggctgtatgac 120
tttcagaaga tgaaggtaag tagaaaccgt tgatggact gagaaaccag agttaaaacc 180
tctttggagc ttctgaggac tcagctggaa ccaacgggca cagttggcaa caccatcatg 240
acatcacaac ctgttcccaa tgagaccatc atagtgcattcc catcaaatgt catcaacttc 300
tcccaagcag agaaaacccga acccaccaac cagggggcagg atagcctgaa gaaacatcta 360
cacgcagaaa tcaaagttat tggactatc cagatcttg gtggcatgtat ggtattgagc 420
ttgggatca ttttggatc tgcttcottc tctccaaatt ttacccaagt gacttctaca 480
ctgttgaact ctgttaccc attcatagga ccctttttt ttatcatctc tggctctcta 540
tcaatcgcca cagagaaaag gttAACCAAG cttttgggtc atagcagcct ggTTGGAAAGC 600
attctgatgt ctctgtctgc cctgtgggt ttcattatcc tgcgtgtcaa acaggccacc 660
ttaaatctg cctcaactgca gtgtgagttt gacaaaaata atataccaa aagaagttat 720
gtttcttact tttatcatga ttcatcttat accacggact gctatacagc caaAGCCAGT 780
ctggctggaa ctctctctc gatgtgatt tgcactctgc tggattctg cctagctgtg 840
ctcactgctg tgctgcgggt gaaacaggct tactctgact tccctgggt gagtgtgtg 900
gccgcttca cttAACCTG ccttagtgtat cttatccctg cactgtgtt gatgtgtcac 960
caagagtgtt agaaggaaca accagccaaat cacgagatac acatggggagg gcatttgcatt 1020
tgtgtatggaa gacagagaag aaaacagat ggcaatttgg tagctgatcaa gctgaaaatt 1080
caactggatat gaaaatagtt aatcatgaga aatcaactgaa ttcaatctc ctatTTGTC 1140
agcgaaggaa atgagactt gggaaagttaa atgactggcc tggcattatg ctatgagtt 1200
gtgccttgc tgaggacact agaacctggc ttgcctccct tataaggcaga aacaatttct 1260
gccacaacca ctatgtctt taatagtatt gacttggtaa agggcattta cacacgtAAC 1320
tggatccagt gaatgtctta tgctctgcat ttggccctgg tgatctaaa attcggttgc 1380
cttttaaag ctatattaa aatgtattgt tgaatcaaaa aaaaaaaggg agtgagaggt 1440
gggggggggg gggggaggag gggggggccgt ttaggggggg ccgggttt 1488

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2262 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53

tcggccga	tccggctcgaa	gctaattttt	aagtctcgat	tggaaatccag	tgagtagggtt
cataatgtgc	atgacagaaaa	taagctttat	agtggtttac	cttcatttag	cttggaaagt
tttcttgc	ttagtttgg	aagtaaattc	tagttttag	ttctcatttg	aatgaacac
attaacgact	agattaaaat	attgccttca	agattgttct	tacttacaag	acttgcctc
acttctatgc	tgaaaattga	ccctggatag	aatactataa	ggttttgagt	tagctggaaa
agtgtacaga	ttaataaaatg	tatattggta	gttgaattta	gcaaagaaaat	agagataatc
atgattatac	cttattttt	acaggaagag	atgatgtaac	tagagtatgt	gtctacagga
gtaataatgg	tttccaaaga	gtatTTTta	aaggaacaaa	acgagcatga	attaactctt
caataataagc	tatgaagtaa	tagttgttgc	tgaattaaag	tggcaccagc	tagcacctct
gtgttttaag	ggtcttcaa	tgtttctaga	ataagccctt	atttcaagg	gttcataaca
ggcataaaaat	ctttctcct	ggcaaaagct	gctatgaaaaa	gcctcagctt	ggaagatag
atTTTTTCC	ccccaaattac	aaaatctaag	tatTTTggcc	cttcaatttg	gaggagggca
aaagtggaa	gtaagaagtt	ttatTTtaag	tactttcagt	gctcaaaaaaa	atgcaatcac
tgtgtgtat	ataatagttc	atagggtgat	cactcataat	aattgactct	aaggctttt
ttaagaaaaac	agcagaaaga	ttaaatcttgc	aattaagtct	ggggggaaaat	ggccactgca
gatggagtt	taggttagta	atgaaattct	acttagaaatg	caaaattggg	tatataattt
acatagcatg	ttgttggat	tttttttaat	gtgcagaaga	tcaaagctac	ttgaaaggag
tgcctataat	ttgccagtag	ccacagatta	agattatatc	ttatataatc	gcagattagc
tttagcttag	ggggaggggt	ggaaagtttgc	gggggggggt	tgtgaagatt	tagggggacc
ttgatagaga	actttataaa	cttcttctc	ttaataaaag	acttgttca	caccgtgtc
ccattaaagg	cagctttct	agagtttcag	tcacctaagt	acaccacaa	aacaatatgal
atatggagat	cttcctttac	ccctcaactt	taatttgc	agttataacct	cagtgttgta
gcagttactgt	gatacctggc	acagtgtttt	gatcttacga	tgcctctgt	actgacactgal
aggagaccta	agagtccctt	cccttttga	gttgaatca	tagcctgtat	gtggctctct
gttttatgtc	cttgttccct	atgtaaaatgt	gtttaactgc	ttcttgggt	tattggtag
cattgggata	agattttAAC	tgggtattct	tgaatttgc	ttacaataaa	ccaattttat
aatctttaaa	tttatcaact	tttacattt	gtgttatttt	cagtcaaggc	ttcttagatc
tacttatgtt	tgtggagca	cattgatttgc	gagtttgcaga	tcttccaaag	cactattgt
tgtataact	tttctaaatg	tagtgcctt	aaaggaaaaa	tgaacacagg	gaagtgactt
tgctacaaaat	aatgttgctg	tgttaagtat	tcatattaaa	tacatgcctt	ctatatggal
catggcagaa	agactgaaaaa	ataacagtaa	ttaatttgc	aattcagaat	tcataccaaat
cagtgttggaa	actcaaacat	tgcaaaagtgc	ggtggcaata	ttcagtgtt	aacactttc
tagcgttgg	acatctgaga	aatgagtgct	caggtggatt	ttatcctcgc	aagcatgtt
ttataagaat	tgtgggtgt	cctatcataa	caattgtttt	ctgtatcttgc	aaaaagttt
ctccacattt	taaatgtttt	atattagaga	attctttaat	gcacacttgc	caaatatata
tatatagtac	caatgttacc	tttttatttt	ttgttttaga	tgtaaagagca	tgctcatatg
ttaggtactt	acataaaattg	ttacattatt	tttctttagt	taataccctt	ttgtttgtt
atgtgggtca	aatatattct	ttccttaaaac	tcttaaaaaaa	aa	2262

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1301 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54

```

accagcaagc aaccggccga agtcttggaaag ggccgcggag ccccgcgaac cggccccgacg 60
gagcgccagga ggttccccgc cgccgcggcc ttggcccccga gttcctgcag ccgcagccgg 120
cacggaggga gccagccccg accttgcggcc gctgcggccc gcggctcccgc gccaaacccc 180
cctcaggaaa gaggttttaa aatcaaagat gggaaaatcg gagaaaatttgc cccttcggcc 240
tggccagctt gttcatggta tacacttgta tgagcaacca aagataaaaca gacagaaaag 300
caaataaac ttgccactaa ccaagatcac ctctgcaaaa agaaaatggaa acaacttttgc 360
gcaggattct gtttcatctg acagaattca gaagcaggaa aaaaagcctt ttaaaaataac 420
cgagaacatt aaaaatttgcg atttgaagaa atcagcattt ctaactgttgc tgagccaaaa 480
ggaaaatttat gctggggcaa agtttagtgc tccacccctt cctagtgttc ttccaaagcc 540
tccttagtcac tggatgggaa gcactgttgc aaattccaac caaaacaggg agctgtatggc 600
agtacactta aaaacgctcc tcaaaggatca aacttagatt tcagatttca gtatgttgt 660
aaaacataat ttttccata tccctggact cttgagaaaa ttggtacaga aatggaaattt 720
tgcctgttg caacatacaa ttgcaaaaaga tgagttaaa aaatttacata caaacagctt 780
gtattatatt ttatatttttgc taaataactgtt ataccatgtt ttatgtgtat attgttcata 840
cttggagaggtt atattatatttgc tttgttatgtt aagtatgtt tttgcctgc ccacatgca 900
gggtttttgtt atatatacaa tggataaaattt ttaagtgtgtt gctaaggcac atggaaagacc 960
gattttatgtt gcacaaggta ctgagatttt tttcaagaaaa cagctgtcaa atctcaaggtt 1020
gaagatctaa atgtgaacag tttactaatgtt cactactgaa gtttaaatctt gtggcacaat 1080
caatgttaagc atgggggttttgc tttctctaaa ttgattttgtt atctgaaattt actgaacaac 1140
tccttattccc atttttgttgc aactcaattt ctggttttgg tatatatccat tttccagctt 1200
atgcctctaa ttttaatgcc aacaaaatttgc gttgtatca aattttaaaa taataataat 1260
ttggccccccc ctttttaaaaa aaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa a 1301

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1265 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56

```

ccacgttagcc tcgtgccgct gcgtgcagct tctgtctccc tggaaaaatcaatcaagggg 60
taggactttg ctatctctga gatgtctgct acttgcac aattctgcag ctgtctgctg 120
ctctaaagag tacagtgcac tagagggaaatggcccttt aaaaataaga acaactgtcc 180
tggctggaga atctcacaag cgaccatcgatcctttaa atccctgcata ctgtcccttc 240
tcacaggcat tcacagaacc cttctgattc gtaagggtta cggaaactcat gttcttctcc 300
agtccccctgt ggtttctgtt ggagcataag gtttccagta agcgggaggg cagatccaac 360
tcagaaccat gcagataagg agcctctggc aaatgggtgc tcatcagaac gcgtggattc 420
tcttcatgg cagaatgtc ttggactcgg ttctccaggc ctgattcccc gactccatcc 480
tttttcaggg gttatttaaa aatctgcctt agattctata gtgaagacaa gcatttcaag 540
aaagagttac ctggatcagc catgctcagc tgtgacgcct gaataactgt ctactttatc 600
ttcactgaac cactcactt gtgtaaaggc caacagattt ttaatgtggt tttcatatca 660
aaagatcatg ttgggattaa ctggcccttt tccccaaaaataaaactctc aggcaagcat 720
ttctttaaag ctattaaggg agtatataact tgagtactta ttgaaatggc cagtaataag 780
caaatgttct tataatgtcta cctgatttct atgaaatgtg ttgacaagc caaaattctc 840
ggatgttagaa atctggaaag ttcatccctt gggatttact tctccaggga ttttttaaag 900
ttaatttggg aaatttaacag cagttcaactt tattgtgagt ctttgccaca tttgactgaa 960
ttgagctgtc atttgtacat ttaaaggcgc tggtttgggg tctgtgagag tacatgtatt 1020
atatacaagc acaacaggc ttgcactaaa gaattgtcat tgaataaca ctacttggta 1080
gcctaacttc atatatgtat tcttaattgc aaaaaaagtc aataattgt caccttggg 1140
ttttaatgt ttgcttaag tggcttat tttctatgttt tataaaccacaa aacaaaattt 1200
ccaaaaacaa tgaaggaaac caaaataaat atttctgcatttcaaatgaa aaaaaaaaaa 1260
aaaaaaaaa 1265

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 274 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57

attgcgagtt	tttttggtttgc	ttgtttcaat	gtgacttgac	gttttatttca	atgaaaattt	60
aaatgattct	tacaaatccct	ctgaaaaagta	aaactgatac	ttttataaaac	agaagtatat	120
gcaaacagtc	acaatatgca	ttaggacgac	tgacgatatt	tcttacatgc	cagggagttc	180
ttccatccc	gcaaacaccc	cttatctgaa	agtgtttttt	ctccatataaa	ttggcatcta	240
aggattttt	aaaaagtcaa	aaacagtggc	aggg			274

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2073 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58

taaatttcca	aatgttcaact	cgaggatctt	agaaaccaac	catacagacg	agccgatgca	60
gtgaggagaa	gcgtcaggcg	gcgcgttgc	gatcagaact	tgcgttctgt	taatgggcc	120
gaaataacaa	tgtgaacctg	agactggcct	gcatgaatac	agggtgtgcg	tgaatgaaac	180
tgcccacatg	aactttatgt	gctacgattt	aactgcagcc	ttgaacacac	acaaaaatat	240
tcttaagggc	ttagattttag	caaacacaga	agaattttaa	aatgagctct	cctttcaacc	300
cttgttaaca	agtgcctaaa	aatggaaagta	cctgttcaga	ttaatcaaag	caataggatt	360
tgatttgatt	aggtatcttt	ttacaccagt	atgttatttt	taacaaaaat	gtaaaaggttc	420
tattaaactc	attacctgcc	attgtgattt	tcccatatg	gcccacctgg	tttcctgatg	480
ttgttaataa	catcaatgca	tctgctgtgg	gtcccttgct	gagatgtctt	cgaaggaatt	540

ttgttttagc catatccatc aactttgtat tttacttgca atttggaaaga aggaaaagtca 600
 catgatgaaa ctccctttgt ctataaccag gcccggcaa agtgc当地 aacttctac tacttctgtg 720
 gcaatggcac aaaggtcaact caatcctttg tttccagttt cacattctac tacttctgtg 780
 ctagagaacg atgctctgtg agaggcattc actagtatga atgtggggat atagtgtata 840
 agacttattt gcagtaactgt gtcttcagc tagaggcagc tttttaataa atgcaagtgt 880
 atttatttagc attaaaatta acatctcagt aatcagcatt agcatttctg aggaccatta 900
 ttaattctga gaacagaaaat tggtgccctg caaggaagtt tactagctt atcaacaaggc 960
 atccaagggtt acatctgcta gcagagtagt gttaggaacc tggccctact ctcctctgac1020
 aatcgcaatt ttttcttatt ttttataaaat tcaagaagat acacttggca tcgtgtatcg1080
 aggtaagtt tttcatgcat ttcccagact acttatggag aatttcgtt taagttctg1140
 aaaagtatta acatggattt aagcttaaaat aatacgtaat gggactagat ggcccactaa1200
 gccactgtta ttttccttcc tctctggcag ggcacttggat ccattccaaa gtcaaaaact1260
 ggactgaagc taaaatttgc ttttcataa tatacattct gcttcggct tatcttcttg1320
 gtacatcaat atattaattt gtaatgttat ttaaccgctg aagttctat1380
 tttatgtgt gcttatgtga accccttggt gaaggccct tttcccttggta tttatgtgtt1440
 tatgtcttt ttaaatgtac agatattttg ctataaaaatc ggtgcagttt tttatgtgtt1500
 ttacacttctt cttaatttcc cacctaagcc tctggtaat attgtaaata ttgttttaaa1560
 atgcacatcagc ctatgtata caatctgaat gttatattaa ctatagttt ttttaatat1620
 atatatttaa ctataaggac agtttaggaa acaagttacc taccacattt cacttttagt1680
 tacctattt cagaaagatt aaactgccac ctgcgggcac attccataaa atgtgtactt1740
 tactttaaa agaacatgcc acgattttgt ctgttctgtgg actcaacatt cacttcgatt1800
 aaaaatagca atttgcacca gttggacttc cactacaaaag cagctgtttt ccaaaaggta1860
 atgctgacat atatgtat taaaataatt gcctatttat taatctacaa atagacaacg1920
 ttggcatgtt ctttctgtt tgcttattaa tgggcctgct tcttagcaat attagaatgt1980
 ttataaaaag caattcatgt tacctttctg gtctttcat ggcatatgag caaataataa2040
 actatttaca ctactagaaa gaaaagagaaa gaa 2073

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 850 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59

ctattacaca	tgaggtttt	aatgtattta	gacctgacaa	taggggtgtc	acttagatgt	60
gatctcagtg	ttgtggtaa	ctttgtgtgt	ctttaatcg	aaatctggaa	catagatgat	120
gatttttcc	tttgaattaa	cttaatgtgt	tctcttcct	acagattca	gaacttatat	180
ttcacctct	tccaatgtgg	cacccttgc	ccagaaaaaa	gccaggaatg	tatcgaggga	240
atggccatca	gaatcaactat	cctccctcctg	ttccatgg	ttatccaaat	cagggaagaa	300
aaaataaacc	atatcgccca	attccagtga	catgggtacc	tcctcctgga	atgcatttg	360
accgaatca	ctggattaat	cctcacatgt	tagcacctca	ctaacttcgt	ttttgattgt	420
gttgggtca	tgttgagaaa	aaggtagaat	aaaccttact	acacattaaa	agttaaaagt	480
tcttactaat	agtagtgaag	ttagatggc	caaaccatca	aacttatttt	tatagaagtt	540
attgagaata	atctttctta	aaaaatatat	gcactttaga	tattgatata	gtttgagaaa	600
ttttattaaa	gttagtcaag	tgcctaagtt	ttaatattt	gacttgagta	tttatataatt	660
gtgcatcaac	tctgttggat	acgagaacac	tgtagaagtg	gacgatttgt	tctagcacct	720
ttgagaattt	actttatgg	gcgtatgtaa	gttattttata	tacaaggaaa	tctattttat	780
gtcgttgttt	aagagaattt	tgtgaaatca	tgttagttgca	aataaaaaat	agtttgaggc	840
atgaaaaaaaaa						850

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2091 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60

aagagacaga	ctattaactc	cacagttaat	taaggacgta	tgttccatgt	ttatttggta	60
aagcagtgtg	aatagccttc	aagcatgtga	ataatctcc	atcttccccg	ccgccttttg	120
tttcttcag	gtagacaccc	tttaaaatgc	agaactaact	gaggcatttc	agtaactttg	180
cttccaaatc	aataaaagtca	aatgtatgg	aacattttgt	gccctactct	ccataccccg	240
tgtactcaaa	ttctctactg	tatgaattat	gcttaagta	gaattcagtg	ccaaggagaa	300
cttggtgaaa	taaatttattt	taattttttt	tttatacctt	acaaagccat	ggattttatt	360
tggttgatgt	gtgctctgta	cacaagccat	tcaatagga	tggagctgtt	aattattttc	420
caaagagtaa	tagacatgca	aaagttcaa	taaaaactgg	gccatttaaca	aataaaattaa	480
taaactaata	agcattccct	tctaggttt	tgccaaaactg	cctatccaat	aacaaatttg	540
agaatcggt	aaaaagctag	ttatatttca	gagaaatgt	tttcattt	gaaactgttc	600
tccctagcag	gccatttcc	cttttcctg	ggagtttagc	aagtttagga	gagaatagtc	660
atgaaaaagaa	agggaagaaa	ggggagaagg	gaagaggtt	aaaat-aagt	gctcagaccc	720

atgaacgtaa tccctttgct aaaaaatattt aagagcagt cagcttggtt gaaaactgagt 780
 tttgtcatct cccatatttg caggaaggta ttttctgact tgcaatgcag cttagatgtaa 840
 aattttatctt tatcatccta gaaagccttg actagaaaaa tgaataaata ttgagggtti 900
 cctgtccata tctggcttgc atgtgccaga aagcagagaa tagaaaaatgt aatctccaac 960
 atccaaagcat cgaaaacccaa ggggtaggca attctatgtt gttttggac atgaagttg1020
 gtgcacatctt gtttatgctg gctcaactgc tattaaacct ctctggctt tagtctttc1080
 attctattag acaagcacgt atcgaacact tgcttcgcac aaggctctt agttaacaat1140
 ttagcagcta ctgtttgtgt taaacacact tttcaccaaa tagttctga ggcaaacgag1200
 agcaatgact atttaaagaa aggctttccc agcatcactt acacatccca aaactaaaaa1260
 gatcaactct tccaactgag aaaagactcc tggctttgaa tggaaactt cagcagagag1320
 tcacaggcca cggcaacaac aacgacaaca acaaacattt ggaatattt tctcaactca1380
 cgttttaata atacatctt ttattttctt agtagagaaa ctacaatca gcctcttcaal440
 catttatata cagtttaata agcctcttgc aagttactt ttccttcacc tgaggtattt1500
 tttcctccc caccttgcctt ctgttcccttcc tcccttgc aagggaaata1560
 tttaacatat ttgggtccaa cttaataat gtaataatta atacattttt agcatttaac1620
 ttccttcttca gaaaaatgca caggcttaagg catagacaaa acaaagagaa atgctgaga1680
 atttgccact ggagacaagc aatctgaata aatatttgcc aaaagttctt tttatgtcat1740
 atatgttcag gatttgaagg agctattttt tttaatgtt gcaacttagca actcatcttc1800
 ggaagacaca gccaggagaa tgaagtagaa gtgaaagggtt tataaatcca ttgttaagca1860
 tttatcccat atattttaaa ttcaagaaaa attgttttta tctttagaat ttgttattca1920
 atactttatg tactatgtga ctcatgcttc tggataaata aagcaccaaa tatgtatctgi1980
 taaccacaat cacacatattt atattaaata tatatctata taacagccaa aaaaaaaaaa2040
 agaagagaag aaaaagaaag gagagggggg gggagagaag gggggggagg t 2091

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2952 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61

ctcgtcccaa accaggacac cctctctaca gtaaatacat gcgtgggat gtacttgta 60
 tgctgaagca gacggaaaat aattacttgg agtgccaaa gggagaagac actggcagag 120
 ttcacctgtc tcaaataatgaa attatcactc cacttgcata acatctttaga agcagaccaa 180

acgatccaag ccacgctcaag aagcctgttg acagtggtgc tcctcatgt gtcgttcc 240
 atgattttccc agcagagcaa gttgatgatt tgaacctcac ttctggagaa attggtttat 300
 ctctggaga agatagatac agattggta agaggaaact gtagaaacca gattggcata 360
 ttccctgcca actatgtcaa agtgattatt gatatcccag aaggaggaaa tgggaaaaga 420
 gaatgtgtt catctcatg tgttaaaggc tcaagatgtg ttgctcggt tgaatatatt 480
 ggagagcaga aggatgagtt gagttctca gagggagaaa ttattattct taaagagtat 540
 gtgaatgagg aatggccag aggagaagtt cgaggcagaa ctggatttt cccctgaac 600
 tttgtggagc ctgttgagga ttatcccacc tctggtgc当地 atgttttaag cacaaggta 660
 ccactgaaaa ccaaaaaaga agattctggc tcaaactctc aggttaaacag tcttccggca 720
 gaatggtgtg aagctttca cagtttaca gcagagacca gtgtgactt atcattcaag 780
 agggagacc ggatccagat tctgaaacgt ctggattctg actggcag gggcagactg 840
 caggacaggg aggggatctt cccagcagtg tttgtggc当地 cctgcccagc tgaggcaaaa 900
 agtatgtgg ccatagttacc gaagggcag gaaggccaaa gccttatatg atttccgagg 960
 ggagaatgaa gatgaactt ccttcaaggc tggagatata ataacagacg tggaatctgt 1020
 agatgatgac tggatgagtg gagaacttat gggaaaatct ggaatatttc ccaaaaacta 1080
 catacagttt ctacagatca gctagaggag aagcttgc当地 gtgtccttgc当地 gcacaagaac 1140
 tcacttgaac tatcacctt actatcatg atgttttgc actatttttt ttaactgaaa 1200
 aagaaatatc taagctgtac atggatact agaattttct gaaagcagaa aacgatcaga 1260
 tttttagtt aattttcat acaatagaaa catgcacatg gaaacccatg agctaggatt 1320
 ctaccgagga aaacatctag tgggatttagc aaggtaagg gaaagcatct ggtggcatgg 1380
 cagcatgggg aggctcacac acagaagtt cacgtggaca tctgtttaa tcagcacaag 1440
 tgaattaacc atgcttctc attttttac ttttagttaa aaagaggaca ttaatattc 1500
 tacatgctgt aactatcagg acatggtag caatctcaat ttcatttttgc当地 atattcaa 1560
 taattcttac agcttgagca tatcagcctt attaccagag caaatccctc cttcagatgg 1620
 gatagtttac tgacttagtg gacattttgt aagcacatgg tgaatcagc ccctgcccac 1680
 caaaataatc tttatgttac caagtgattt ccatttgc当地 aaggatttgc当地 agggggctt 1740
 aattggatgt atcttagtca aagaaccaa aaccatccct gaaatgc当地 gctaataca 1800
 ctaatccctc catatatgtg ccatacttatt tttttccctc agtgataact ttatgttaac 1860
 agggtttata caaagcacat tttctgaatc tgcaatcattt ctttgacaa ttactggacc 1920
 caaaggaaaa ttcatttttct ttgcatttatt ccagtaatata ataaaaactg tgc当地 1980
 tagtagtaca ttatgtatca catataaaat ttacaatatac agaacaactg ttaagatgga 2040
 aaacagtgcc aaacccac agctcatttgc当地 ttgtatataat aatcagaatg aaaaataatt 2100
 taagaggaca gaagactgtt acttttttgc当地 ttatattttt ctctagctt tccctgcaca 2160
 attatttagag tgaatgaaa accacttcc tgc当地 tttccat ttttataat tctaagctt 2220
 agataaaaat gtttcttac atgactgaat caattacaat ttatgggctt gaggccaaata 2280
 gtttgaagac aatcatccaa acagatcaat ggaatagaat ttcattggaa atgtaaaaca 2340
 ctttcccaac aatggtcatg acttttttgc当地 tttttggaa agagttcat atgctggacc 2400
 acatttttagc ttttatttttgc当地 tttttttcc cattgtccaa aaagtttgc当地 aacaagtggc 2460
 cacacttta cgtgactaca acctggagtt ctgcaaaagaa ggttataattt acttggctt 2520
 tgactaaatg tatctccccca ttctatgtt acattttattt ttggactatg gggacttctt 2580
 atacgttttgc当地 gtaaagaaga ggttataaaatg aaaatttcttgc当地 tcaatattca ctcaaaaatg 2640
 atttcatgag aatcaatgtt tttaaagcat tatccaaattt aaattatcat ttgc当地 2700
 ctgtacaaca gcaggaagga tatggatgg aacatgaggt atatatctt gccttataa 2760
 ttttaacatc ttatattgaa gattctgaaa acctatctt attagaggaa aatctcaatc 2820
 ttcagttttgc当地 gccttctgtc accagaatgtt taagtgc当地 agtttgc当地 2880
 ctgtataaaa ctgaaactgaa ctttcaaaaat cccttctca tactagactg agtttttgc当地 2940
 gaatggaggt gg
 2952

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 2313 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62

c_{ttt}gtca_{gt} taagtata_{gt} tg_{cg}caaaaa ttgttaa_{atc} c_{ttt}gtc_{ttt} attaaagaaa2280
aattt_{gagta} acaaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa aaa 2313

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1650 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63

ccgcggggct gggggagctc ggggagcctg cgggaccggg ggagcccgaa ggccaggggg 60
atccccggc gcgcgccagg aggccggagga gcaggcggtg gaggcgaggg aggaagagga 120
gcaggacttg gatggtgaga agggggccatc atcggaaaggg cctgaggagg ggggacggag 180
aaggcttc ttc aaataac agccccggga agctgagggg aaaccagtac aagaagatga 240
tgaccaaaga ggagctggag gaggagcaga gaactgaaga ataacgaagt tatccttagc 300
gtcctctaa aggctttcc ttttggcatc taaaaagctt gagagataaa acggaaaccc 360
cagagaggag tctggcagg ctcccagggt gcatgctgcc tccataaatc tgctgagctc 420
tagaccctca atcaggactt gtcccttggc tagcaggatc ctggaaacac ctttggccct 480
gccctgtgt a gatgttca tgtctgttcc tgtgggtcac tttgttaagc tgaagagttt 540
taagaggttag agctcagacc ctggactggg atttttctta ccactcaaacc ttgctatcca 600
cacaccctgc acaccttaga taaaaagaac attttaaaag cagatcac tttcactc 660
gtctccctc ttttgcctc actgaagcca aaccacagaa gactttgagg aatgagagac 720
aaatgaggtta gagtcaccc tgcacca gctccgtca ggtggtcac cgacccttt 780
ccctggaaac cccacttctc tctgtggctg gcttgggttgc cgggggtgag atgccatatt 840
gattacaggg cagcaaagaa ccagtaccag gaatttactt gaccattccc cttattttc 900
atcttagagga atctcggtt cagcccttcc attgctaaga cacctttca ctgaggttct 960
taccagctca gccaaatctc cactctgta tagcagaagc aataatgttt gctttaaaaa1020
gattttctga cctatgcctt ttcttagaaa gtttgataga ttagttagaa cttcagatca1080
tcagatcagt ctcaaattggg ttcttgaa ttttatattt gacaatattt atactataacc1140
aaactcattt gcagttctt ggttgttgg taaaacatt tttttaaagc agtaagttt1200
tagaaaaatgt ttcatattaa tggaaggctg gggaaatgtcc agcatcaacc cctatggcat1260
gcattccctcag tggccttctc atctgggcct ggaaccttgc gttcagggtc taggggagaa1320
caggccacat gcacaaacagcc acacaqtcat tgccttcaac acagagccac gtgtccccaa1380
acagcaatag tcacatgcctt gtccaggctg gatctaatt gatacaatag gtcgttgact1440
ccctcctagt agagctatct aggttgttgc gaaagtttc cgaccctggc ttataggcac1500

cacacacctcat gtactcctca tggcttggat ctctgtattc agcccttggtt cagtc当地1560
aactttgagt agatgatcts aaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaag gggagaaggg aagaaggaa1620
gggcacaaag gcggaatggg ggtgagctt 1650

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2851 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64

ccccccgcgc cggcccccgcg ctgtcagctc cctcagcgtc cggccgaggc gcggtgtatg 60
ctgagccgct gcccgcagccg gctgtccac gtcctggggc tttagcttcct gctgcagacc 120
cgccggccga ttctccctcg ctctccacgt ctcatgaagc cgctggcgt gttcgtccctc 180
ggcggccccg gcgccggcaa ggggaccagg tgcccccgc tcgtcgagaa atatggctac 240
acacacacccctt ctgcaggaga gctgttcgt gatgaaaaggaa agaaccaggaa ttcacagtat 300
ggtaactta ttgaaaagta cattaaagaa gggaaagatg taccagttga gataaccatc 360
agtttattaa agagggaaat ggatcagaca atggctgcga atgctcagaa gaataaaattc 420
ttgattgatg gttttccaag aaatcaagac aaccttcaag gatgaaacaa gaccatggat 480
gggaaggcag atgtatctt cgttctctt tttgactgta ataatgagat ttgtattgaa 540
cgatgtctt agagggaaa gagtagtggt aggagtgtat acaacagaga gagcttggaa 600
aagagaattc agacctacat tcagtcaaca aagccaattt ttgacttata tgaagaaaatg 660
gggaaagtca agaaaaataga tgcttctaaa tctgttgatg aagttttga tgaagttgtg 720
cagattttg acaaggaagg ctaattctaa acctgaaaaggc atccttggaa tcatgcttga 780
atattgcttt gatagctgt atcatgaccc ctttttaagg caattctaat ctttcataac 840
tacatctaa tttagggctg gaaagtacat ggtaaaacaa agtaaattttt tttatgttct 900
tttttttgtt cacaggagta gacagtgaat tcaggtttaa cttcacctt gttatggc 960
tcacccaaacg aagggtatca gctattttt tttaaattca aaaagaatat ccctttata 1020
gtttgtgcct tctgtgagca aaactttta gtacgcgtat atatccctt agtaatcac 1080
acatttttagg atttagggat acccgcttcc tctttttctt gcaagttta aatttccaa 1140
cttaagtgaa ttgttgacc aaatttcaaa ggaactttt gtgttagtcag ttcttgac 1200
atgtgtttgg taaacaaaact caaaatggat tcttaggagc atttttagtgt ttattaaata 1260
actgaccatt tgctgttagaa agatgagaaa acttaagctt tggtttacta caacttgtac 1320
aaagttgtat gacagggcat attcttgct tccaagattt gggttggggg cactagggtt 1380
tcagagcctg gcagaattgt cagctttagt ctgacataat ctaagggtat gggcaaggaa 1440

tcacatctaa tgcttgtgtt cttataactc tattatatacg tggattcat gattcagctgl500
atcttaacaa aattcgttagc agtggAACCT tgaaatgcatt gtggctagat ttatgcataa1560
atgattctca gtttagcattt tagtaacact tcAAAGGTTT ttttttgttt gttttctaga1620
cttaataaaaa gcttaggatt aattagaaga agcaatctag ttaaatttcc catttgtat1680
ttatTTCTT gaatactttt ttcatagttt tttgtttaaa aagattttaaa aatcattgca1740
ctttggtcag aaaaataata aatatatctt ataaatgttt gattcccttc cttgctattt1800
ttattcagta gatttttgtt tggcatcatg ttgaaggcacc gaaagataaa tgatTTTaa1860
aaggctatag agtccaaagg aatattctt tacaccaatt cttcctttaa aaatctctgaa1920
ggaatttgtt ttcgccttac tttttttct tctgtcacaa tgctaagtgg tatccgaggt1980
tcttaataatg agattttaaa tctttttatg ttttttattt tcagcactta catcatttgg2040
tacacagggt caaatagggc aaataatttt gtctttgtat aatagattt aatTTTaaag2100
tcactggaaa taggacaagt taatggatgt ttttatattt taatagaatc atttatttct2160
atgtgtatg aaattcactt aatgataaaat tttcaacat acttgccatt agaaaacaaa2220
gtattgctaa gtactataac atattggcca ctAAAATTCA tattttagattt gagattgtt2280
cttggaaagag ataggaatga gttcttatct agtggcag gccagcaa atcagagggtgg2340
tttaatcaaa cagctctagt atgaagcaag agtaaagact aaggTTTcga gagcattcct2400
actcacataa gtgaagaat ctgtcagata ggaatctaaat ttttatattt gagattgtt2460
aagcaacctt aaagtttga agaagactga tgagacttagg tgcttgcattt ctttcatca2520
ggtatTTTC tggcattt gagaacagaa accaagaaac atggtaatta ctAAATTATG2580
aggctttgct tttttttgc tttaatgtt aaaaacatgt tggcaacatt gagTTTggaa2640
gttggatttgc ataatatgac ttaacttagt ttgtcatttcc atttggataaa gatacagtca2700
ccaagaatgt ttggatTTTt ttggaaagacc ccaatttaag ctttgcattt tttttaaat2760
tttccattca gtgtatTTTgg atgtatataca atttatttagt aaataatctc aataaaatttt2820
gtgctgtggc ctttgcataaa aaaaaaaaaa t 2851

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1071 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65

attccaaaca tggcggctcc actaggggtt atgtttctg ggcagccacc cggccccctt 60
caggccccgc cgggccttcc gggccaaagct tcgcttctc aggccagctcc aggccgctctt 120
agaccttcca gcagtactttt ggtggacgag ttggagttcat ctttgcggc ttgctttgca 180

tctctggta gtcaggacta tgcataatggc accgatcagg aagaaaattcg aaccgggtt 240
gatcagtgtc tccagaagg tctggatatt gcaagacaga cagaatgtt tttcttacaa 300
aaaagattgc agtttatctgt ccagaaaacca gagcaagta tcaaagagga tgtgtcagaa 360
ctaaggaatg aattacacgc gaaagatgca ctatccaga agcacttgac aaagctgagg 420
cattggcagc aggtgctgga ggacatcaac gtgcagcaca aaaagcccgc cgacatccct 480
cagggctcct tggcctacct ggagcaggca tctgccaaca tccctgcacc tctgaagcca 540
acgtgagcaa agggcagagg cagttggcct atgagtggc tgatcgtga ggttggccac 600
acattccctc ctgtggactt gacatttgg aagaacttt tgccagataa tgagttcatt 660
tttagtttat gctcccatg aaaaattttc cactatttt ataagctgtt aatttcttga 720
gtactttata acatgtctgt agcttggata aaccaagtaa gtatttttt ttgtcttta 780
gcgaagttt aactgtgaat atgatgacac agatttttt ttatgggtgc ttgtctgtt 840
ttaaattttt gcatgactt tcattttt atgtgtgtt cctgtatgtt gatccgaagg 900
aaaagagttt agtagcctga gaatcaggag atgggagttt tagtcgtagg ctttatgata 960
attacccgc ggtgggtgtt agaaaagttt gtaatttgc tctgtttaa gactttgaac1020
tacctaaga agaggaatct aatacaatat ttgtaatgtt tccagaaaaa a 1071

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2375 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66

agcttgccaa ttctgttaact ctttggata tcttgcttag cttaattgca gctgccactc 60
atgatctgga tcatccagggt gttaatcaac ctttccttat taaaactaac cattacttgg 120
caactttata caagaataacc tcagttactgg aaaatcacca ctggagatct gcagtggct 180
tattgagaga atcaggctta ttctcacatc tgccattaga aagcaggcaa caaatggaga 240
cacagatagg tgctctgata ctggccacag acatcagtcc ccagaatgag tatctgtctt 300
tggttaggtc ccattttggat agaggtgatt tatgcctaga agacaccaga cacagacatt 360
tggttttaca gatggcttg aaatgtgtg atatttgtaa cccatgtcgg acgtggaaat 420
taagcaagca gtggagtgaa aaagtaacgg aggaattctt ccatcaagga gatataaaaa 480
aaaaatataca ttgggtgtt agtccacttt gcgatcgtca cactgaatct attgccaaca 540
tccagattgg tttatgact tacctagtgg agcctttatt tacagaatgg gccaggtttt 600
ccaatacaag gctatcccg acaatgctt gacacgtgg gctgaataaa gccagctgga 660

agggactgca gagagaacag tcgagcagtg aggacactga tgctgcattt gagttgaact 720
cacagttatt acctcaggaa aatcggttat cataaccccc agaaccagtg ggacaaactg 780
cctcctggag gtttttagaa atgtgaaatg gggcttgag gtgagagaac ttaactctt 840
actgccaagg ttccaagtg agtcatgccca gccagcatta tttatttcca agatttcctc 900
tgttggatca ttgtacccca cttgttaatt gcaagacccg aacatacagc aatatgaatt 960
tggcttcat gtgaaacccctt gaatatgcaa agcccgacag gagagaatcc gaaaggagta1020
acaaggaaat ttttgcataatg tgccacgact tttcaaaagc atctaattttt caaaaacgtgal080
aacttgaatt gttcagcaac aatctcttgg aattttaacca gtctgatgca acaatgtgtall140
tcttgcaccttccactaagt tctctctgag aaaatggaaa tgtgaagtgc ccagcctctg1200
ctgcctctgg caagacaatg tttacaaatc aactctgaaa atattggttc taaattgcct1260
tggagcatga ttgtgaagga accactcaaa caaatttaaa gatcaaaactt tagactgcag1320
ctcttcccc ctggttgcc ttttcttct ttggatgcca ccaaagcctc ccatttgctal1380
tagttttatt tcatgcactg gaaactgagc atttacatgta gaggatcc aagctttcac1440
tccagtgcgc tttggcaatg caatttttt tagcaattttt ttttaattt ggggtggag1500
gggaagaaca ccaatgtcct agctgttta tgattctgca gtgaagacat tgcatgttgtl560
tttcaactt gtacacttga cctgcacatg cgagaaaaag gtggaatgtt taaaacacca1620
taatcagctc agggtatttg ccaatctgaa ataaaatgg gatgggagag tgggtgcctc1680
agatcaaggg tactaaatgc ccttcgctg cagtggatgtt gaggatgtt gtgtgtgaat1740
gtacggatgt gtgtttgcgt gcatgtttgtt gcatgtgtga ctgtgcatgt tatgtttctc1800
catgtggca aagatttgaa atgttaagctt ttatatttta ttttagaatg tgacataatg1860
agcagccaca ctcggggggag gggaaagggtt gtaggttaagc tgtaacagat tgctccagtt1920
gccttaaact atgcacatag ctaagtgacc aaacttctt ttttgattt aaaaaatgtc1980
attttttct tggccctccc tttgatgaaa cgttaccctt tgacgggcct tttgatgtga2040
acagatgtt tctaggacaa actataagga ctaattttaa acttcaaaaca ttccacttt2100
gtaattttgtt ttaattttgtt ttatgtatag taagcacaac tgtaatcttag ttttaagaga2160
aaccgggtct ttcttttagt tcattttgtat ttcccttgcgtt actgtaaaag actgtttatt2220
aattttttac agtttgcgc aacagccatt ttcttggag aaagcttgag tgtaaagcca2280
tttgtaaaag gctttgcctt actcattttta atatgtgcct gttgtgtta acttttgatg2340
aataaaaaacc tatctttca taaaaaaaaaaaaaaa 2375

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1823 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67

gtcaggataa ccttaaggat agatgaaggg ttgagagcct gtgcctcatt tctgagttct 60
cagctgctat gccgtggaaa tcctgttac tttctgcata tgctcctgca agactctgga 120
gccagtctt aggtcctaca tcctccaaag caagctctc tagaagttga tagcttc 180
atgatttagac gaattgattc tttctgtgac tcatcagttc atttcctgtaaattcatgt 240
cttgcgtttt atttgtaat aagaaccaga gctttagaa accacttaa tcataatccag 300
gagtttgc aaacacaggta cttaacacta attcaccc tgaacaagaa aaatgggctg 360
tgaccggaaac tgtgggctca tcgcgtggc tgtcattgt gctgcctgg ctgtgtttgg 420
aggtattcta atgccagttg gagacctgct tatccagaag acaattaaaa agcaagttgt 480
cctcgaagaa ggtacaatg cttttaaaa ttgggttaaa acaggcacag aagtttacag 540
acagtttgg atctttatg tgcaaaatcc acaggaagtg atgatgaaca gcagcaacat 600
tcaagttaaag caaagaggc cttatacgta cagagttcgt tttcttagcca aggaaaatgt 660
aaccaggac gctgaggaca acacagtctc tttcctgcag cccaaatggc ccatcttcga 720
accttcacta tcagttggaa cagaggctga caacttcaca gttctcaats tggctgtggc 780
agctgcattcc catatctataaatttcaattt tgttcaatg atcctcaattt cacttattaa 840
caagtcaaaa tcttctatgt tccaagtcag aactttgaga gaactgttat ggggctatag 900
ggatccattt ttgagtttg ttccgtaccc tgttactacc acagttggc tgttttatcc 960
ttacaacaat actgcagatg gagttataa agtttcaat ggaaaagata acataagtaa 1020
agttgccata atcgacacat ataaaggtaa aaggaatctg tcctatttggg aaagtcaactg 1080
cgacatgatt aatggtacag atgcagccctc atttccaccc ttgttggaga aaagccagg 1140
attgcagttc ttttcttcgt atatttgcag gtcaatctat gctgtatgg aatccgacgt 1200
taatctgaaa ggaatccccgt tgtagtatttccca tccaaggcct ttgcctctcc 1260
agttgaaaac ccagacaact attttttctg cacagaaaaa attatctcaa aaaattgtac 1320
atcatatggt gtgctagaca tcagcaatg caaagaaggg agacctgtgt acatttcact 1380
tcctcatttt ctgtatgcaaa gtccgtatgt ttcagaacctt attgatggat taaacccaa 1440
tgaagaagaa cataggacat acttggatat tgaacctata actggattca ctttacaatt 1500
tgcaaaaacgg ctgcaggtaa acctatttggt caagccatca gaaaaaattc agtgagtctc 1560
ttgaaaatgg gtattttgc atgatctgta gtatcgtagt atcttcttgc aaggacatgal 1620
gtaaatctat gtaagtaagt gggataaca tctggtatca acttatctt agcttaatgt 1680
caccaatcag tattaaatgc ttatgactaa tttcacagat tttgaatgg ttttatgg 1740
ttatggcatttgc atttgatagc atctctgatt ttgttagctg cgcaaatatt tctatgacaal 1800
taattaattt ttggaaattca tat 1823

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2403 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68

tgaaactcct gtttccgaa gatcagcaag gcggttctct ggaacagctg ctgcagaggt 60
tctcatcaca gtttgtgagc aaaggcgact tgcagacat gctgcgagac ctgcagctgc 120
agatccctgcg gaacgtcacc caccacgttt ccgtgaccaa gcagctccca acctcagaag 180
ccgtgggtgc tgcgtggc gaggcgaaaa cgtctgaaat aacagaggcg caagcacgtg 240
ccatctgtgaa cagcgccttg aagctgtatt cccaagataa gaccggatg gtggacttig 300
ctcttggaaatc tgggtggcggc agcatcttga gtactcgtct ttctgaaact tacgaaacca 360
aaacggcgct gatgagtctg tttgggatcc cgctgtgtta cttctcgcag tccccgcgcg 420
tggtcatcca gcctgacatt taccgggtt actgctggc atttaaaggc tcccagggtt 480
accttgggtt gaggctctcc atgatgatcc acccagccgc cttcactctg gagcacatcc 540
ctaagacgct gtcgccaaca ggcaacatca gcagcgcccc caaggacttc gccgtctatg 600
gattagaaaa tgagtatccg gaagaaggc agcttctggg acagttcagc tatgatcagg 660
atggggagtc gctccagatg ttccaggccc tggaaagacc cgacgacaca gctttccaaa 720
tagtggaaatc tcggattttt tctaacttggg gccatcttga gtatacctgt ctgtatcggt 780
tcagagttca tggcgaacct gtcaagtgaa gacactactc attattttg tacattttg 840
tatatactgg gacagcgtga aacactggaa tccttcatgg acgaggccat atacaatgat 900
gggacagtgc cacactcctt caataaacgt ggctgttgc cagaggacgt gagcgtgtga 960
cgggcgcctt ggcgccaccc tttgggtgtc cactgcctct gcaggtgcag aggggtcagc1020
agcaggagaa gcgtgttggaa cacgtggctc tcagacactc cttttttta acgggaagct1080
ctttgcattt gcatttcctt aacaaaggag caaaggcagag gaagctgaga gtctggcgtg1140
ttcttgacgc tttgggttttc agccttgcac tggctttttt aaaggacttt tggaggccag1200
ataatttcat ctgtttaatc caacacacat ttctttcagg gaaaaacaat gtcaccaat1260
tttcagagtt ctaaaactcct ttccctcaag ccggaaatttt ctttttttca gcaccagtag1320
gtactaagtc tccagatggg gaaataacta aaatgtgttt ttctgtttt ttcgctttt1380
tttcttgagga aggttccag tcaggactcg ctgttaccaat atccatggag gaatatggal440
gcgtttcgct ctcccttgcgt gctgaagtca gtctgactt aaggggcctg gtttggatct1500
aagcaaacac ccagatgggg ttctctggc tcagcaaggc tttttcttgc gggagtccac1560
gtaaacagaa acccaaaaaat ctcatcttgg gtgttttgc ggctgtttt gagtttgct1620
gaatagggag cgcaagacgc cctgagccctc cctctcactg gtgttgcataa gaggagccgt1680
ctgggtgtc agggtcacga acccgttaca ttccaggacg atcccttttcc ttccagcagc1740
attttttact ggctgtggct ggaatctgcc ttttatcaca gctgtcacca ttctcacgtg1800
atttttgtga gactttttt gtttataatt actatttaat atttagacta ttttactgag1860
cagactttat aaatgagata tctacaaggc acttaaagtg ttacagatgt tttacctta1920
gaattattta agttgtgtt ggttaagaca gttttcagtg taccgttaat gtttgtttt1980
cagaaaaaga caaaacgtg gtgctgactg gttttctgtt tattgcacaa cagtcctcaa2040
atacactgat gtatgaaact attcatacat caagcagcat ttttttcaact ctccttagaa2100
ttggaaactat gcagtttaagg cagataaaat gtacagatgt ttcatatatt acagggttaca2160
tatataatc aaaatttcct atataaaact gatggggat ttgggttggaa aatattttga2220
atattaattt attttaaaat atgcaagata ggactttgtt caatgttattt ttgttaatgc2280
ttttcaaaaat atctgtctt ggttagtgc tgcgtgtc caccaaaattt ataagatgct2340
attaagaggt ttaaataaaat agttttaatt tttaaaaaggg aaaaaaaaaa2400
aaa 2403

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1246 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69

actaagattt tatgtggag ataccccttt aaataaccta cagcttgggt ctatggcttg 60
tgacccccag attcatggag gggctttagc aatcagctt gtacatcatc attttcgtga 120
atgaccaatc ccactaaaca tcttgaagt cggcctagag aggtccttca gatgattcag 180
aaatagctgg cttgtctgag tccagattc tcatcaactg gcaataaaaa ggaaaatatg 240
gtacaggagt tagtttagaaa ggtcttattt attttacttc tactttcac tacagttaca 300
ggtagaatac tgtaggaagt cagtgcagg tgcatgctt attgatagat attgattgtt 360
ttcagtctc tggggtca tttgtggtt ctgctttctt gcctaaatca aagactattt 420
caagtcaaca acactgaaaa ctgctttcg cctccactct tacagctgtg cctaataata 480
attaattaaat aaacgcacag ccctatgtga acagacagga atttcttgc caatgtggag 540
caaatggaaat ggtctccttc cgcaagtctt ttaatccctc atatctggag tacaagggtt 600
gacctctggc ttaccacata cactatgcta aagtcatcag ccactgctac tacatcttgc 660
cagaagggtt ccctcgccaa caaacagttt aaatttaagg gaagaagcaa aagctaaact 720
gtcttgcacc ctaagataga tagaaagcta ttatatttgc ttcaagtgttc aaggcatgac 780
tagtatttct aattagccata ataaattccc acactttctg aagtgaacac taatggatt 840
gtcctactaa aactgtcatt gttttttttt ttttaactgg tcagtcattc acaataagct 900
atgagggtaa ataaatatgt gttataacaa gtaaaccgta gttgcaagaa tataccatga 960
agattaaagt aggctgggtt tcattccat cttcccacac atctcattga atttgcgtt 1020
tgacttaatt ggcaccataa ctttgtatga tattatacat taacctttat ttatgtaaag 1080
taaaatgcct tatataattaa agagtaagtg caataatatg aaatagcctg tacattttaa 1140
aaatgttgtc accaagttt ataaatccac atctctgtaa acaacctttt ttaagtaatt 1200
ttaaaaaaaaa taaacactct gtttactact taaaaaaaaaaaaaaa aaaaaaa 1246

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1950 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

gggtcgcgg gcccgtatttgcgcccccccg cctcagcctg gagtcgcac 60
ccccggagca gcggcccccccg gcccggcccg cctcagcctg gagtcgcac 120
caccttacct gggttccgccc cggtccctga gtccccacaa aatggctgtat ggaggaagcc 180
ccttcttagg tcggaggggac tttgtctacc cttcctcaac ccgagaccct agtgcctcta 240
acggagggggg cagcccagcc aggagggaaag agaagaagag aaaggccgc aggctcaagt 300
ttgacttcca ggcgcagtc cccaggagc tgactctgca gaagggtgac attgtctaca 360
tccacaagga ggtggacaag aactggctgg agggagagca ccacggccgc ctgggcatct 420
tccctgtcaa ttatgtggag gtgtgtcccg cagatgagat ccctaagccc atcaagcccc 480
cgacctacca ggtgtggag tatggagagg ctgtggccca gtacaccctc aagggggacc 540
tggaggtgga gctgtccctc cgcaaggggag agcacatctg cctgatccgc aaggtgaacg 600
agaactggta cgagggacgc atcacgggca cggggccca aggcataattc cctgccagct 660
acgtgcaggt gtctcgtgaa ccccggtctcc ggctctgtga cgacggccccc cagctcccc 720
cgtctccccc cctgaccgct gccggcccgct cagcccggtga ccccaagccgc ccctcagcccc 780
tgccgcagcccc agctgaccccc accgacttgg ggggacagac ctcccccgt cgcactggct 840
tctccttccc cacccaggag cctagaccccc agacccagaa tcttggcacc cctggtccag 900
ctctgtccca ctctcgaggt cccagccatc ccctggaccc ggggacctcc tctcctaaca 960
cctctcagat acactggacc ccgttaccggg cgatgtacca gtacaggccc cagaacgaag 1020
acgagctggta gctgcgcgag ggggacaggg tggatgtcat gcagcagtgt gacgatggct 1080
ggttgtggg tgtctccccc aggacccaga aattcggAAC gttccctggaa aattacgttgg 1140
ccccgggtgtg agtggcttcc atggcaactt ggagccagcc aggtatgggt ggggagcggt 1200
ggcactcgtg ggagggagag gaccccccgc cacatccctcc ttcccagga cctgagctcc 1260
cagcatctgc agacgaccccc cgcaagcattt ccctcgacc cccctcgaag ccccccggac 1320
tgattcccac ccacgactca caggcattcc tcccacagcc ttccatttc cttccaccc 1380
cactcccaa atacagaggt ctgtttgaa gcgaggacca ttccaggcc ttattgagac 1440
cagaccccaa gtccccccacc cccatccctgc tccagcggtt cctctaacag ggaccagctc 1500
tccgtttgc cccccacgggg ttccctctaac cagaaccagc ttccctggct ctagagacc 1560
aaaggccgc cccgcctgt ggggttcctc ccagcaccccc agctgtctgg ctggcccttt 1620
tgcccttctgg cctccagctg ggtgtgggg ggcggacaag gcgggggaca gacgcagcac 1680
cttcttagcg atctaggcct ggcaagagct ctggcccccgg ggcctccctc tcccagggg 1740
tgccaaagtcc tggccctggc cctggcatat caccccgacac tggggccca ggcaccacta 1800
gcctggctca aatattccccc agggagactg ctgtgtgtctg cccgcctgccc tgctggct 1860
cccccagccc cacatccctc ctggaaagaga atgtaaaata aacctggaca caaggaaag 1920
aaaaaaaaaaaaatag attgggggggg aggaaaaaaaaaaaa 1950

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 814 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

cgggggcgag ccggggcctgc gcggtagtgg gacccgaccc tgtctccagt gggcgctttg 60
ggccccggct ctattctgg ctgcgggcctg gggaaagggtc cgccgggtgc caaatgagct 120
gtcctaactc tgcggggctg cagttcctg catgatgctg gggagcttgg cgcctgaccc 180
aggatctaga aggcaactctg ggcaggccgc gctccgcca cgaaggtacc caaccctctg 240
ggatagatgc aggaagcgat ggttaagacc cattttcacc caacttctcg ccgcagtctg 300
gcttaccaca cgctcctccc cattttcaggat gagccgctt ttgcagcacc aggcgaacac 360
ttacaccaggat gctttgtaaa ggaatcttat tgtccacccccc gtgtcttggc aaaagaacag 420
tgatcacaca gattcctact tgggctctt ctttaatct tcggaggctg agtttgccca 480
actcagggtt aaccaccaag gactctgaga gctggcaggt ctgagtaacc ctggtaacaa 540
ttctcttcac cttatcaaaa cctgagctaa aaccaatgca tcagctgatg atgacagcag 600
agagtggcag ggctgaggac ccaaagtcat ttcccaggt ggcggagaat aaactgccag 660
ggagaagaat gagaagacag gagacaaact gtttggaaag ctaaatcttc cctcttaatg 720
aataaagggtt ttgccttgt cttaaaaaat aacaggaaga agcagggaaa aataaataaac 780
ttatggtaat ctggaaattgt attttgtaat atta 814

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 747 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

```
tgggcacgcc cgccccgtac cccggcccgc tgcgcccgc gcccggaggcc cggccgctgg 60
agagcgccga gcccgtgggg ccccgccgatctgtgggc cgacgtggac ctcaccgagt 120
tcgaccagta cctcaactgc agccggactc ggcccgcacgc ccccgccgtc ccgtaccacg 180
tggcactggc caaaactgggc cccgcgcgc tgcctggcc agaggagagc agcctgatct 240
ccgcgcgtgc ggacgcgcagc agcgcgggtct attacagcgc gtgcattctcc ggcttagggcc 300
ccggcgccgc cccgggtccct gcagcgcttc ctccgcgcgc ccccgccgacc gatccgaccg 360
cgtcgtgcc gctctgctct ctcatacgcg tgcgttttgc ttccatgtc acagccccct 420
aggagccagt gatgctcgcc cttgcgcggc ttccacctcc cagggccaccc ttccctgggt 480
tctggccac ctgcctcgg gggggccctg cgagggtgcc tggagttccc acgtgtcccg 540
gggctttcc aggaagcccg agccaggac ctgtggcag agttgccagg gttacatttt 600
tgaagcacct gtccttttc ttgcagtgtat ttttctacaa ccagattgtat ttaatattttt 660
ttacttgcc ctttaaaaaa atatacctaa tacaatatat ttaatttta attaaactct 720
taaacttttc ttccaagaga aaggac 747
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2419 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

```
cttttgcac ccagtaccgg ataggggacc tgctgggttga agccgcgggg cccggccagg 60
gatcgctcgca tggatattct ggtggggcct gtcggccagg aagggttccg ggtacctcag 120
ggcgagtggg gcaggggcagt tctgtttat tcagggccctg catgagcggta tgctaaggcc 180
gggtgggtctc ctggcctcgg gctgaggcct ctggccggct gtctggccctt ggcctgcgt 240
ggacctgcta agtggccac agtggcagcg aggtggccgtt cccggggccgtt ggggtgggaga 300
```

ccccgggctg aq:gctgtgg ctttctggtg gggggcgatg gaaacaggaa accaagcagt 360
ggatcgca ggttggcac tgcgaggcga gtggcgggct ttctgtttct gccttgtccc 420
tccccacggt acctggttcc caggtaaaaa tgaaaggagg ggagaagttg agaacagaac 480
attccataaa ggatatttc taataggctg caagatgctg atgccgagaa tgatgattt 540
ctttctgca gatgaaacta ttagaaaggg tcttagattt tggcaggtag gctttggagc 600
aggcgcggag acatittctga gcatgaggac gagctacagc agctctggg gtggggctgc 660
ctgcgggatg gcgggagagg atgccttggaa gaaccgtct cccagtgtgg aaggccctt 720
tccctgagga gtgggcattc tggggcagcc ggcgctggct tcgtgcctcc acgtgggcca 780
gccccagctg ctccgtt cctggcgtt gcaatttact gtgtgtctga gtgtgaggta 840
atctccggag cggtttcagec agcccttggc tctgcccgtt ctctccggg ctgtgggcat 900
gcagggaaat ggctgtgagg cagtcgcgc tggcccttgc ccttcgccttca gcgagaggcc 960
gtggcgtctg gacaagccgc ctttcaggct ggggttagcag gtcagtccag gcaggaagca 1020
gcacctgccc cccgcgcggc cccagccca gcctgagtgca aggagctgca ggaccgcgg 1080
gggctttcc agctactctg ttcccttcaag tcctcccttc tcagccctgtt ccaagcaccg 1140
ggaagaccc caggctgacc ctttgcggc cagtcgcac aggtgcgtgg gggcgtgagg 1200
gaggcagggt cttcaccaca ggcccttcc tctgtccttc ctgctcttc ttctctgccc 1260
aggccgctgc agctgcacag cctctgctac acctgggctg cctgggaggg ttcttggtgt 1320
ggtgtctgga ccccacggcc ttgggtcatc ctgtggctgg tctggggtgg ggtctgttgt 1380
ggtccttcca cgggtcagt ggctgaat ccctcgctt tggggggggg gtctctcacc 1440
cccaggccac ataggccag tggtaggggt tccctctatg tcggcagtg ctgagggtgt 1500
ggatgctctg tgacccccc tggagccac acctaaggcc tggcatccac atcatttcac 1560
cctgcagtga gggaaagggc caccaggctt cagcacagcc acaccgttc ccacgtcaga 1620
ggagggcaag gctgggtact cagcagccac tctgagccgg ggctcttcc agagactga 1680
atccacctgt ctccatctt cttgcctgcc tgggtactca tgccaaagcag agactgggat 1740
taggggttct gtgctcttc ctaatttaga acattctcc atgtctctt tgggtccca 1800
gaaggagaag ttagtttgcc aaggatatgg ggcaggaggg tccctctgtt gacccctgc 1860
agcctggagc cagcccgggg actgtcctgg gtggaggggca ggttaacacca agctgctgcc 1920
ggggactgtc ctgggtggac ggcagggtgaa cacaagcggc tgcccatgtt agccactcac 1980
tcgactttt ttcagctgtt accattcttggagctttt ggccttctgtt gtctcatttg 2040
gaaccagggg gaaccaggaa ggggtcttgc gcctctctgtt gtcccttgca gtgggggttg 2100
tggggggcgc agatccacgc ttgtctgccc ttctttcatg aagtctgttt tttaagtgt 2160
ggttccccc aatattttat gcagaggagg gaaaatttat agtggcaattt attttctcac 2220
agtctggta gcaggcaattt aatttaggtt aaggggggctt agtagagcgtt ggcgtgtggc 2280
agaatcgac cccccccggct ccccaagccca ccgccttgc gggctcgctt gcgggaaaac 2340
taatatgccc gcgtttaagc ctgtccccctt ctgtgggtt taactgcgtt gaaataaatg 2400
atctgacaat gtgaaaaaaa 2419

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

- (A) LÄNGE: 366 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77

IASARLEEV	GKLQVARNL	MRGTEMCPKS	EDVWLEAARL	QPGDTAKAVV	AQAVRHLPQS	60
VRIYIRAAEL	ETDIRAKKRV	LRKALEHVPN	SVRLWKAAVE	LEEPEDARIM	LSRAVECCPT	120
SVELWLALAR	LETYENARKV	LNKARENIP	DRHIWITAAK	LEEANGNTQM	VEKIIDRAIT	180
SLRANGVEIN	REQWIQDAEE	CDRAGSVATC	QAVMRAVIGI	GIEEEDRKHT	WMEDADSCVA	240
HNALECARAI	YAYALQVFPS	KKS梧LRAAY	FEKNHGTR	LEALLQR	RAVA HCPKAEVLWL	300
MGAKSKWLAG	DVPAARSILA	LAFQANPNSE	EIWLA	AVKLE SENDEYERAR	RLLAKARTVP	360
PPP	GC	S				366

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

- (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

MRTSKFILFI	FSDVGNGLGF	KRELEEGMFD	SHRRFLQQMP	LLAISHFFPQ	ILPTEAQAF	60
VS						62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

- (A) LÄNGE: 39 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

RPRLYKAKRK TTNGVVLCCI ALHKIRNRCL TIEFVFCEF

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

- (A) LÄNGE: 25 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

;

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80

KTPSLQSKTK NNKWSCAMLY CFAQN

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81 :

- (A) LÄNGE: 29 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

;

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

;

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

DPVSTKQNEK QQMELCYVVL LCTKLGTGV

29

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

- (A) LÄNGE: 32 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

PKRRVSDTSS GPTPCMEPIL GRTHYSQLRK KS

32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

(A) LÄNGE: 54 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

LGQDSHQHIT HVLLGREKQY IPVERSQSIS GRNVVKGGRC YAAAPSVPEV AVIP

54

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

(A) LÄNGE: 54 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

GDQAHREQGK EQAMFDKKVQ LQRMVDQRSP ISDEKKVALL YLDNEEEEND GHWF

54

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

GTRHPLSLSH KPAKKIDVAR VTFDLYKLNP QDFIGCLNVK ATFYDTYSLS YDLHCCGAKR 60
IMKEAFRWAL FSMQATGHVL LGTSCYLQQQL LDATTEEGQPP KGKASSLIPT CLKILQ 116

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

NRGGVGFGVG WSLPFELLIF MSRLQNSRVG LTMWGGGGSS LFFYFQVHSW GWWGGRRIPL 60
PKPLVCAELA L 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

- (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

YRHEPLEYPAF PYKIQRENFY TFIPQIKQVL SSYRALARSI CKRNLKFSCR IKLDK

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

- (A) LÄNGE: 411 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

LATHSPQKSH QCAHCEKTFN RKDHILKNHLQ THDPNKMAFG CEECGKKYNT MLGYKRHLAL 60
HAASSGDLTC GVALELGST EVLLDHLKAH AEEKPPSGTK EKKHQCDHCE RCFYTRKDVR120
RHLVVHTGCK DFLCQFCQR FGRKDHLTRH TKKTHSQELM KESIQTGDLL STFHTISPFSF180
QLKAAALPPF PLGASAQNGL ASSLPAEVHS LTLSPPPEQAA QPMQPLPESL ASLHPSVSPG240
SPPPPLPNHK YNTTSTSYP LASLPLKADT KGFCNISLFE DLPLQEPQSP QKLNPFGFDLA300
KGNAGKVNLK KELPADAVNL TIPASLDLSP LLGFWQLPPP ATQNTFGNST LALGPGESLP360
HRLSCLGQQQ QEPIPLAMGTV SLGQLPLPPI PHVFSAGTGS AILPHFHAF R 411

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

- (A) LÄNGE: 314 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

KRCQRKQPLR GIGILKQAI KMQMNTNQLT SIHADLCQLC LLAKCFKPAL PYLDVDMMDI 60
CKENGAYDAK HFLCYYYYGG MIYTGLKNFE RALYFYEQAI TTPAMAVSHI MLESYKKYIL120
VSLILLGKVQ QLPKYTSQIV GRFIKPLSNA YHELAQVYST NNPSELRNLV NKHSETFTRD180
NNMGLVKQCL SSLYKKNIQR LTKTFLTLSI QDMASRVQLS GPQEAEKYVL HMIEDGEIFA240
SINQKDGMVS FHDNPEKYNN PAMLHNIDQE MLKCIELDER LKAMDQEITV NPQFVQKSMG300
SQEDDSGNKP SSYS 314

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

- (A) LÄNGE: 58 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

VLQEKIKIKK EKKEKIKFKN CFENVQIKSN ILIIHLHVLL NILIMWMFTL CMILAELYH 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

- (A) LÄNGE: 201 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

MDLSILLWVLL PLVTMAWGQY GDYGYPYQQY HDYSDDGWVN LNRQGFSYQC PQGQVIVAVR 60
SIFSKKEGSD RQWNYACMPT PQSLGEPTEC WEEINRAGM EWYQTCSNNG LVAGFQSRYF120
ESVLDREWQF YCCRYSKRCP YSCWLTTTEYP GHYGEEMDMI SYNYDYYIRG ATTTFSAYER180
DRQWKFIMCR MTEYDCEFAN V 201

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

- (A) LÄNGE: 247 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

MGNGLSEERG NNFNHISPIP PVPHPRSVIQ QAEELHTPQ KRLMTPWEES NVMQDKDAPS 60
PKPRLSPRET IFGKSEHQNS SPTCQEDEED VRYNIVHSLP PDINDTEPV MIFMGYQQAE120
DSEEDKKFLT GYDGIIHAEL VVIDDEEEED EGEAEKPSYH PIAPHSQVYQ PAKPTPLPRK180
RSEASPHENT NHKSPHKNSI SLKEQEESLG SPVHHSPFDA QTTGDTEDP SLTALRMMA240
KLGKKVI 247

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

- (A) LÄNGE: 188 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

MPVLREYLMS GGICPVS RDT IDYLLSKNGS GNAIIVVGG AAESLSSMPG KNAVTLRN R 60
GFVKLALRHG ADLVPIYSFG ENEVYKQVIF EEGSWGRWVQ KKFKQKYIGFA PCIFHGRGLF120
SSDTWGLVPY SKPITT VVG E PITIPKLEHP TQQDIDLYHT MYMEALVKLF DKHKTGFGLP180
ETEVLEV N 188

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

- (A) LÄNGE: 290 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

RGAGTQPGPL LKKPYQPRIK ISKTSVDGDP HFVVFPLSR LTVCFNIDGQ PGDILRLVSD 60
HRDSGVTVNG ELIGAPAPPN GHKKQRTYLR TITILINKPE RSYLEITPSR VILDGGDRLV120
LPCNQS VVVG SWGLEVS VSA NANVTI QG SIAFVILIHL YKKPAPFQRH HLGFYIANSE180
GLSSNCHG LQ GQFLNQDARL TEDPAGPSQN LTHPLLQVG EGPEAVLTVK GHQVPVVWKQ240
RKIYNGEEQI DCWFARNNA A KLIDGEYKDY LASHPFDTGM TLGQGMSREL 290

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

NQFTSCILFC DGGHWRELLF QSIMSSHWTI KILLVPLFYI SLEFFPSGFVL CLANDLGYHF 60
SSRVRS 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

- (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

VPGALPLAVG PPPPPSGFPR NVQPRRPSQS LGRVMSAGPD KRPLGTLCCF VSFL 54

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

FFLYFNQVFY WSGNCKIYKF LKGISCLKAS IALYPRSLIQ TNTQNTEKS

59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

- (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

MGNKEPGSHG HRSDADPSRF SPVLPPAVQL GVWREEGRGG SCPFSWGRGP VSSTWLFPKG 60
SKREGLGEKT MERGPAKENR EEVSGLISLL SRCSGSLI 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

- (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

MGKGLGEDGQ QRARESWTSQ RRRPQQVQSR AATSCPAGCL EGRGQRRVMS LQLGEGPSEL 60
HVAFSQREQE GRIGRENNGE GTCEGKQGGS ERFDQPAITV FWLSYLLARRL RDRYITS 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

- (A) LÄNGE: 145 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

MNRGPPTFWT FEDRGAKRDR SARGPHPAFL GEPLLTWVSL RLHQLVGLQA SPPDSPHCWA 60
TLNLKFHCPA PPTPTPKFPK EMSKTHAHTY IHTCTCAHTS CVTTGQGNAS LRIPGPGPGV120
KGCGSTLPPN LLEDPECGGR IGCLP 145

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

- (A) LÄNGE: 197 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

MRTHVLCYHW PRKRESQDSR AWTWGKGLLW DSAPQPLGGP RVWGQDWVSA LTHRISPGPK 60
AEKKSGRRSR RQGWWTKVGV RLKGSETRF DHTHHPSVPP GQHAPLEPLH RLIRTRQNLL120
LTNLLRAVYR GITLVQEGCP SCFHTTTGPT IPLLASLRRP RDPQKPGEKE SWPLVSTA FR180
ATGGDAQMWT VKGLSQ 197

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

SEARNAPSGT AQTFAFMGFMT GTIISMYQTK AVIIAMIITA VVSISVTIFC FQTKVDFTSC 60
TGLFCVLGIV LLVTGIVTSI VLYFQYVYWL HMLYAALGAI CFTLFLAYDT QLVLRKHT120
ISPEDYITGA LQIYTDIIYI FTFVLQLMGD RN 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

HLLSPPHILG TAFSSTGNGT DGQKTSITFM KGLLELPGKK ACLGELGRCR QCGWAGGQPV 60
VLLPAQ 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

- (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

PTSLIWPTTM FCSVHVLFKS IINWLPSFKL NQTLKAWSSH TGPTFPHGNY ERAPAQQGLS 60
RSLPPPLPVP QIWPLLKIR TATGPSEPCKP T 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

LLPSFFLHFS LSIYFPHPPTF LEQPLVLQEM ALMDRRLALP S

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

- (A) LÄNGE: 471 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

NELKASGGEI KIHKMEQKEN VPPGPEVCIT HQEGERKISAN ENSLAVRSTP AEDDSRDSQV 60
KSEVQQPVHP KPLSPDSRAS SLSESSPPKA MKKFQAPARE TCVECQKTVY PMERLLANQQ120
VFHISCFRCS YCNNKLSLGT YASLHGRIYC KPHFNQLFKS KGNYDEGFH RPHKDLWASK180
NENEELERP AQLANARETP HSPGVEDAPI AKGGVLAASM EAKASSQQEK EDKPAETKKL240
RIAWPPPTEL GSSGSALEEG IKMSKPWPP EDEISKPEVP EDVDLDLKKL RRSSLKERS300
RPFTVAASFQ STSVKSPKTV SPPIRGWSM SEQSEESVGG RVAERKQVEN AKASKKNGNV360
GKTTWQNkes KGETGKRSKE GHSLEMENEN LVENGADSDE DDNSFLKQQS PQEPKSLNWS420
SFVDNTFAEE FTTQNQKSQD VELWEGEVVK ELSVEEQIKR NRYYDEDEDE E 471

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:112 :

- (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

RKMLRAALPA LPIPRCKYTL FLIAHMGPPY LLALVMLKS WPWERCLPGR HSCLVQAKPL 60
CNASPFWCYE VPLCRRFHQQ LTVVPSTRTC FEIS 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

(A) LÄNGE: 324 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

GLSTFQNWL P STPATSWGGL TSSRTTDNGG EQTALSPQEA PFSGISTPPD VLSVGPEPAW 60
EAAATTKG LA TDVATFTQGA APGREDTG LL TTTHGPEEAP RLAMLQNELE GLGDIFHPMN120
AEEQAQLA AS QPGPKVLSAE QGSYFVRQLGD LGPSFRQR AF EH AVSHLQHG QFQARDTLAQ180
LQDCFRLIEK AQQAPEGQPR LDQGSGASAE DAAVQEERDA GVLSRVCGLL RQLHTAYSGL240
VSSLQGLPAE LQQPVGRARH SLCELYGIVA SAGSVEELPA ERLVQSREGV HQAWQGLEQL300
LEGLQHNPL SWLVGPFA LP AGQQ 324

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

(A) LÄNGE: 148 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

IAMTPPNATE ASKPQGTTVC PPCDNEALKSE AIIEHLCASE FALRMKIKEV KKENGDKKIV 60
PKKKKPLKLG PIKKKDLKKL VLYLKNGADC PCHQLDNLSH HFLIMGRKVK SQYLLTAIHK120
WDKKNKEFKN FMKKMKNHEC PTFQSVFK 148

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

- (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

PVIYSLIRS EIRYKISR PV TTDFIKSE SL ILACLYLISE RMSTL

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

- (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

PDCESEMYFN LDSVFLRVLS MKLADSRQDS FFHHGWLISP

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:117:

- (A) LÄNGE: 27 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

TNEHTLTSYL QLPFSFNRIIV KASCILI

27

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

- (A) LÄNGE: 135 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

RSNAVQLTRM EYAMKSLSLL YPKSLSRHVS VRTSVVTQQL LSEPSPKAPR ARPCRVSTAD 60
RSVRKGIMAY SLEDLLLKVR DTMLADKPF FLVLEEDGTT VETEEYFQAL AGDTVMVLQ120
KGQKWQPPSE QGTRH 135

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:122:

- (A) LÄNGE: 193 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

EACAHTLSCP ALARLGRARR RPWMShRTSS TFRAERSFHS SSSSSAATS SSASRALPAQ 60
DPPMEKALSM FSDDFGSFMR PHSEPLAFPA RPGGAGNIKT LGDAYEFAVD VRDFSPEDII120
VTTsNNHIEV RAEKLAADGT VMNTFAHKCQ LPEDVDPTSV TSALREDGSL TIRARRHPHT180
EHVQQTFRTE IKI 193

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

- (A) LÄNGE: 38 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

MATFYPLFPN GGGTYPEVVN DFPLKLLYFT NLNYFVLM

38

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

MWLFHDAGIR SAGGLSLLSC GSWPLPSGYH RLQDTNGQQK NVTLLILSSS SIGTKLPSRP 60
REILC 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

- (A) LÄNGE: 250 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

ETRVKTSSEL LRTQLEPTGT VGNTIMTSQP VPNETIIVLP SVNINFSQAE KPEPTNQGQD 60
SLKKHLHAEI KVIGTIQILC GMMVLSLGII LASASFSPNF TQVTSTLLNS AYPFIGPFFF120
IISGSLSIAT EKRLTKLLVH SSLVGSILSA LSALVGFIIL SVKQATLNPA SLQCELDKNN180
IPTRSYVSYF YHDSLYTTDC YTAKASLAGT LSMLICLTL EFCLAVLTAV LRWKQAYSDF240
PGVSVLAGFT 250

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

MHTCQIYIYS TNVTFLFFVL DVRACSYVRY LHKLLHYFFL CNTFLFVYVV QIYSFLKLLK 60
K 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:129:

- (A) LÄNGE: 211 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

PASNRPKSGR APEPREPARR SAGGSPPPPP WPRVPAAAAG TEGASPD LAP LRPAAPGQTP 60
LRKEVLKSKM GKSEKIALPH GQLVHGIHLY EQPKINRQKS KYNLPLTKIT SAKRNENNFW120
QDSVSSDRIQ KQEKKPFKNT ENIKNSHLKK SAFLTEVSQK ENYAGAKFSD PPSPSVLPKP180
PSHWMGSTVE NSNQNRELMA VHLKTLLKVQ T 211

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

MILTNPLKSK TDTFINRSIC KQSQYALGRL TIFLTCQGVL PSQQTPLI

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

LGIFLHQYVI FNQNVKFLN SLPAlIVIVPS WPTWFPDVVN NINASAVGPL LRCLRRNFVL 60
AISINFVFYL QFGRRKVVT 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

MDMAKTKFLR RHLSKGPTAD ALMLFTTSGN QVGHDGTITM AGNEFNKNFT FWLKITYWCK 60
KIPNQIKSYC FD 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

LNVFSSLQIS ELIFPPLPMW HPLPRKKPGM YRGNGHQNHY PPPVPFGYPN QGRKNKPYRP 60
IPVTWVPPPG MHCDRNHWIN PHMLAPH 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

MYGNILCPTL HTPCTQILYC MNYSALSRIQC QGELGEINYF NFFFILYKAM DFIWLMCALY 60
TSHFNRMELL IIFQRVIDMQ KFQ 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

(A) LÄNGE: 366 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

RPKPGHPLYS KYMRGDVLVM LKQTENNYLE CQKGEDTGRV HLSQMKIITP LDEHLRSRPN 60
DPSHAQKPWD SGAPHAVVLH DFPAEQVDDL NLTSGEIVYL LEKIDTDWYR GNCRNQIGIF120
PANYVKVIID IPEGGNGKRE CVSSHCVKGS RCVARFEYIG EQKDELSFSE GEIIIILKEYV180
NEEWARGEVR GRTGIFPLNF VEPVEDYPTS GANVLSTKVP LTKKKEDSGS NSQVNSLPAE240
WCEALHSFTA ETSDDLSFKR GDRIQILERL DSDWCRGRLQ DREGIFPAVF VRPCPAEAKS300
MLAIVPKGRK AKALYDFRGE NEDELSFKAG DIITELESVD DDWMSGELMG KSGIFPKNYI360
QFLQIS 366

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

MNPYISIIVF IVFLCSENYP WNNMLRITGS SPYLHFLSVL GVLVNSYVLI LFNSEFLTQH 60
FRERIQAG 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:140:

- (A) LÄNGE: 28 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

FFFFFFFFFFLLK FFFFNKDKGFN NFCATILN

28

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

- (A) LÄNGE: 22 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 141

EGTTRKKDKY ILSLENASRQ KY

22

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

- (A) LÄNGE: 46 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 142

MPFLRKFDRL VRTSDHQISL KWVSWNFIFD NIYTIPNSFA VLRFVG

46

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 143

MEGWGMSSIN PYGMHSQWPS HLGLEPLVQG LGENRPHGNS HTVIAFNTEP RVPKQQ 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:144:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 144

MNISTQGRAK GVPRIILLAKG QVLIEGLELS RFMEAACTLG ACPDSSLGFP FYLSSF 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 145

MPKGKAFFRT LRITSLFFSS LLLLQLLFGH HLLVLVSPQL PGAVFEGEAF SVPPPQALPM 60
MAPSHHPSPA PLPASPPPPA PPPPWRRGI PLAFLPRSR RLPELPQPR 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

- (A) LÄNGE: 247 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 146

RPAPAPRCQL PQRPAEARM C LSRCRSRLH VLGLSFLQLT RRPILLCS PR LMKPLVV FVL 60
GGPGAGKG TQ CARIVEKYGY THLSAGELL R DERKNPDSQY GELIEKYIKE GKIVPVEITI 120
SLLKREMDQT MAANAQKNKF LIDGFP RNQD NLQGWNKTMD GKADVSFVLF FDCNNEICIE 180
RCLERGKSSG RSDDNRESLE KRIQTYLQST KPIIDLYEEM GKVKKIDASK SVDEVFDEVV 240
QIFDKEG 247

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

- (A) LÄNGE: 181 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 147

IPNMAAPLGG MFSGQPPGPP QAPPGLPGQA SLLQAAPGAP RPSSSTLVDE LESSFEACFA 60
SLVSQDYVNG TDQEEIRTGV DQCIQKFLDI ARQTECFFLQ KRLQLSVQKP EQVIKEDVSE 120
LRNELQRKDA LVQKHLT KLR HWQQVLEDIN VQHKKPADIP QGSLAYLEQA SANIPAPLK 180
T 181

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

- (A) LÄNGE: 236 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 148

MLRDLQLQIL RNVTHHVS VT KQLPTSEAVV SAVSEAGASG ITEAQARAIV NSALKLYSQD 60
KTGMVDFALE SGGSILSTR CSETYETKTA LMSLFGIPLW YFSQSPRVVI QPDIYPGN CW120
AFKGSGQGYLV VRLSMMIHPA AFTLEHIPKT LSPTGNISSA PKDFAVYGLE NEYQEEGQLL180
GQFTYDQDGE SLQMFQALKR PDDTAFQIVE LRIFSNWGHP EYTCLYRFRV HGEPVK 236

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

- (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 149

MEWSPSASLF NPHIWSTRVD LWLTTYTM LK SSATATTSCQ KVSLANKQLK FKGRSKS 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:

- (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 150

MHLALTSYSI LPVTVVKSRS KINKTFLTNS CTIFSFVLPV DEKSLRQAS YF

52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

- (A) LÄNGE: 377 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 151

LRRFPAQSSP APRRAPEQRP PAGPASAWSS SYPHAPYLGS ARSLSPHKMA DGGSPFLGRR 60
DFVYPSSTRD PSASNCGGSP ARREKKRKAA RLKFDFQAO SPKEELTLQKG DIVYIHKEVD120
KNWLEGEHHG RLGIIFPANYV EVLPADEIPK PIKPPTYQVL EYGEAVAQYT FKGDLEVELS180
FRKGEHICLI RKVNENWYEG RITGTGRQGI FPASYVQVSR EPRLRLCDDG PQLPTSPRLT240
AAARSARDPS APSALRSPAD PTDLGGQTSP RRTGFSFPTQ EPRPQTQNLG TPGPALSHSR300
GPSHPLDLGT SSPNTSQIHW TPYRAMYQYR PQNEDELELR EGDRVVDVMQQ CDDGWFVGVS360
RRTQKFGTFP GNYVAPV

377

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:

- (A) LÄNGE: 39 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 152

WDPTLSPVGV LGPGSILGCG PGKGSPGAK

39

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

- (A) LÄNGE: 58 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 153

MQEAMVKTHF HPTSRRSLAY HTLLPIPSEP LFAAPGEHLH QCFVKESYCP PRVLAKEQ 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 154

GGEPLRGSG TRPCLQWASW APALFWAAGL GRARRVPNEL S

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 155

MMLGSLAPDP GSRRHSGQAA LRPRRYPTLW DRCRKRWLRP IFTQLLAAVW LTTRSSPFPV 60
SRFLQHQANT YTSAL 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 156

GASRACAVVG PDPVSSGRLG PRLYSGLRAW EGLAGCQMSC PNSAGLQLPA 50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

- (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 157

GTPGPYPGPL SPPPPEAPPLE SAEPLGPAAD LWADVDLTF DQYLNCSRTR PDAPGLPYHV 60
ALAKLGPRAM SCPEESSLIS ALSDASSAVY YSACISG 97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

- (A) LÄNGE: 173 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

:
(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 158

GLFPAPVCPWP ALDLLSGPQW QRGPAGPGAGV GDPGLSAVAF WWGAMETGNQ AVGSQRWSLR 60
GEWRAFCFCL VPPHGTWFG ENERRGEVEN RTFHKGYFLI GCKMLMPRMM IFFPADETIR120
KGLRLWQVGF GAGAETFLSM RTSYSSSWGG AACGMAGEDA LENRPPSVEG PFP 173

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

- (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

:
(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 159

GHLSRVFSSP WLCGVSSGLW ACREVAVRQS ALWPCLCPAR GRGLWTSRPS GWGSRSVQAG 60

SSTCPPRQPS PSLSAGAAGP AGAFPATLFL HVLPSQPRPS TGKTSRLT?

109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 160

NIRGNQHLKN RLHERRAARR GSAPPPTPTA EDITIONGAPS WFPLVPNETE RLKEIPLGMVT 60
AEKKSSSEWLH AAAACVHLPS TQDSPRQQLV FTCPPPRTVP GLAPGCRGSA EGASCPISLA120
NSLLLGPHK RHGRMFLIRQ EH RTPNPSLC LA 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 3096 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 161

GCGGGTGACG CGACGACGGC TCGACACTT GCTACGGAGT GCATCGGACG TCGAAGCCTA 60
 GAGTCCTCTGC GTCTTCCCT CTTCCGCTGC CTCAATTCTT TCCTTCCTAG CCTTGGTCGT 120
 CGCGGCCACC ATGAACAAGA AGAAGAAACC GTTCCTAGGG ATGCCCGCGC CCCTCGGCTA 180
 CGTGCCGGGG CTGGGCCGGG GCGCCACTGG CTTCACCAACG CGGTCAAGACA TTGGGCCCGC 240
 CCGTGATGCA AATGACCTG TGGATGATCG CCATGCACCC CCAGGCAAGA GAACCGTTGG 300
 GGACCAAGATG AAGAAAAATC AGGCTGCTGA CGATGACGAC GAGGATCTAA ATGACACCAA 360
 TTACGATGAG TTTAATGGCT ATGCTGGAG CCTCTTCTCA AGTGGACCC CACGAGAAAGA 420
 TGATGAGGAA GCAGATGCTA TCTATGCAGC CCTGGATAAA AGGATGGATG AAAGAAGAAA 480
 AGAAAGACGG GAGCAAAGGG AGAAAGAAGA AATAGAGAAA TATCGTATGG AACGCCCAA 540
 AATCCAACAG CAGTTCTCA ACCTCAAGAG GAAGTGGCA GAAGTCACAG AAGAAGAGTG 600
 GCTGAGCATC CCCGAGGTG GCGATGCCAG AAATAAACGT CAGCGGAACC CACGCTATGA 660
 GAAGCTGACC CCTGTTCTG ACAGTTCTT TGCCAAACAT TTACAGACCG GAGAGAACCA 720
 TACCTCAGTG GATCCCCGAC AAACCTCAATT TGGAGGTCTT AACACACCCCT ATCCAGGTGG 780
 ACTAAACACT CCATACCCAG GTGGAATGAC GCCAGGACTG ATGACACCTG GCACAGTGAG 840
 CTGGACATGA GGAAGATTGG CCAAGCGAGG AACACTCTGA TGGACATGAG GCTGAGCCAG 900
 GTGCTGACT CGTGACTGG ACAGACCGTC GTGACCCCA AAGGCTACCT GACGGATTAA 960
 AATTCCATGA TCCCACACA CGGAGGAGAC ATCAATGATA TCAAGAAGGC GCGACTGCTC1020
 CTCAGTCTG TTCGGGAGAC GAACCCCTCAT CACCCGCCAG CCTGGATTGC ATCAGCCCGC1080
 CTGGAAGAAC AGTCAAGTA GCTCGGAACC TTATCATGAA GGGGACGGAG1140
 ATGTGCCCA AGAGTGAAGA TGTCCTGGCTG GAAGCAGCCA GTTGCAGGCC TGGGGACACA1200
 GCCAAGGCCG TGGTAGCCCA AGCTGTCCTG CATCTCCAC AGTCTGTCAG GATTTACATC1260
 AGAGCCGAG AGCTGGAAAC GGACATTCTGT GCAAAGAACG GGGTTCTTCG GAAAGCCCTC1320
 GAGCATGTTG CAAACTCGGT TCGCTTGTGG AAAGCAGCCG TTGAGCTGGA AGAACCTGAA1380
 GATGCTAGAA TCATGCTGAG CCGAGCTGTG GAGTGTGCC CCACCAAGCGT GGAGCTCTGG1440
 CTTGCTCTGG CAAGGCTGGA GACCTATGAA AATGCCCGCA AGGTCTTGAA CAAGGCGCGG1500
 GAGAACATTC CTACAGACCG ACATATCTGG ATCACGGCTG CTAAGCTGGA GGAAGCCAAT1560
 GGGAACACGC AGATGGTGG AAGATCATC GACCGAGCCA TCACCTCGCT GCGGGCAAC1620
 GGTGTGGAGA TCAACCGTGA GCAGTGGATC CAGGATGCCG AGGAATGTGA CAGGGCTGGG1680
 AGTGTGGCCA CCTGCCAGGC CGTCATGCTG GCCGTGATTG GGATTGGGAT TGAGGAGGAA1740
 GATCGGAAGC ATACCTGGAT GGAGGATGCT GACAGTTGTG TAGCCCACAA TGCCCTGGAG1800
 TGTGCACGAG CCATCTACGC CTACGCCCTG CAGGTGTTCC CCAGCAAGAA GAGTGTGTGG1860
 CTGCGGCCG CGTACTTCGA GAAGAACCAT GGCACTCGGG AGTCCCTGGA AGCACTCCTG1920
 CAGAGGGCTG TGGCCCACCTG CCCCCAAAGCA GAGGTGCTGT GGCTCATGGG CGCCAAGTCC1980
 AAGTGGCTGG CAGGGGATGT GCCTGCAGCA AGGAGCATCC TGGCCCTGGC CTTCCAGGCC2040
 AACCCCAACA GTGAGGAGAT CTGGCTGGCA GCCGTGAAGC TGGAGTCCGA GAATGATGAG2100
 TACGAGCGGG CCCGGAGGCT GCTGCCAAG GCGCGGACAG TGCCCCCACC GCCCCGGTGT2160
 TCATGAAGTC TGTGAAGCTG GAGTGGGTGC AAGACAACAT CAGGGCAGCC CAAGATCTGT2220
 GCGAGGAGGC CCTGCGGCAC TATGAGGACT TCCCCAAGCT GTGGATGATG AAGGGGCAGA2280
 TCGAGGAGCA GAAGGAGATG ATGGAGAAGG CGCGGGAAAGC CTATAACCAG GGGTTGAAGA2340
 AGTGTCCCCA CTCCACACCC CTGTGGCTT TGCTCTCTCG GCTGGAGGAG AAGATTGGGC2400
 AGCTTACTCG AGCACGGGCC ATTTGGAAA AGTCTGCT GAAGAACCCA AAGAACCTG2460
 GGCTGTGGTT GGAGTCCCGTG CGGCTGGAGT ACCGTGCGGG GCTGAAGAAC ATCGCAAATA2520
 CACTCATGGC CAAGGCGCTG CAGGAGTGCC CCAACTCCGG TATCTGTGG TCTGAGGCCA2580
 TCTTCCTCGA GGCAAGGCC CAGAGGAGGA CCAAGAGCGT GGATGCCCTG AAGAAGTGTG2640
 AGCATGACCC CCATGTGCTC CTGGCCGTGG CCAAGCTGTT TTGGAGTCAG CGGAAGATCA2700
 CCAAGGCCAG GGAGTGGTTC CACCGCACTG TGAAGATTGA CTCGGACCTG GGGGATGCC2760
 GGGCCTTCTT CTACAAGTTT GAGCTGCAGC ATGGCACTGA GGAGCAGCAG GAGGAGGTGA2820
 GGAAGCGCTG TGAGAGTGCA GAGCTCGGC ATGGGGAGCT GTGGTGCAGC GTGTCCAAGG2880
 ACATCGCCAA CTGGCAGAAG AAGATCGGGG ACATCCTTAG GCTGGTGGCC GGCCGCATCA2940
 AGAACACCTT CTGATTGAGC GGTTGCCATG GCCGGTCTCC GTGGGGCAGG GTTGGGCC3000
 ATGTGGAAGG GCTCTGAGCT GTGTCTCCT TCATTAAGA TTTTATGTC TCGTGTCAAGA3060
 AAAAAAAAGA AAAGAAAAAA GGGGGCGCCC GGGGGC 3096

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1987 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 162

CTTTGAATTT TAGAATGTCA TGTGTTCTTT TAAAAAAATT AGCTCCCCAT CCTCCCTCCT 60
CACCGCCTCC CTCCCTCCTT CTCTCTCTCT CTCTCTCACA GACACACACA 120
CACACACACA CACACGCACA CGCACGTCCA CACTCACATT AAACCTAAAGC TTTATTTGAA 180
GCAAAGCTAG CCAAAATTCT ACGTTACTTT TCCCTTGACT GGATCCAAG TAGCTTGAA 240
GTTTTGTGC CCAGGAGAGT AAATAACTGT GAACAAGAGG CTCTGCCCTT AGGTCTTTGT 300
GGCTGTTAA GTCACCAACA ATAGAGTCAG GGTAAAGAAT AAAAACACTT TCATAGCCCTC 360
ATTCAATTACAC TTAGAAGTGG TAATAATTTT TCCCTAATGA TACCCTTTT CTTTCCCCC 420
TGTACCTATG GGACTTCCAG AAAGAAGTTA AATTGAGTAA AATCATCAGA AACTGAATCC 480
ATGTAAGAAA AAATAATTGT TGAAGAAAGA AGTTGATAGA ATTCAAAAAG CCCATCTTT 540
TGCTTCACA TCAATAAAAT TTACCAAGTA ATAGATCAGT ACTCACTAAT ATTTTGAGA 600
CCATAGTTGT CTGGTCAGAA AAATTATATT AAATTAGTAA ATTCTAGAAG CTCTTTAAA 660
GGGAAGTTT CCTTCTCTC CAATTATAGG AGTTGATTTT TACTTTGCAA AGTGGCTCGG 720
TCCTCATGAG CATCTGCATG TTGACTCTTC AGTTAAGAAA ATTGTGTTTC ATTTAGGGAG 780
GTGGATATTG TGATGAAGAT CTTTATCCTA AACCTTCCCTA CTATCCTTGT CTTATTACATC 840
AAGCAGATAT TTAGTCAAG AATTCCAGAG AAGGCTGCTC CTAAAATGTC TACTTGCAGC 900
CCAATACCAAG AGCATAAAACT ATCCATTCTG GGGTCTGGCT TTAGAAAATCA TCTTTGTGGG 960
AAGACCTAAT TCTTCACAGC AAGGATCTCA GGCATGCCTT CTAGATTGT TCCCTCTGAG1020
GGGCAGGAAT GAACTGTAGA AATGTTTAA GGACCCAGAA ACCCCATATG TCTCATTCCA1080
TGACTATAGG TGAGAGAATT CTTTCCTAAG AGGGTTTGAT ACCAATAGGG GAAAATGTA1140
AATGTTCACT CTTTATGACA ACCTGGCATA AAGGAGTCAA TTCTTATGAA AGAGACACAA1200
GGGCCTTATG GCCAGGGTTT CTTGGGACAA GACTCTCAC AGCACATCAC ACACGTTCTC1260
CTTGGAAAGAG AGAAGCAGTA CATCCCCTGTT GAGAGGTACAAAGCATTAG TGGAAGAAAT1320
GTGGTAAAGG GGGGAAGGTG TTATGCGGCT GCTCCCTCCG TCCCAGAGGT GGCAGTGATT1380
CCATAATGTG GAGACTAGTA ACTAGATCCT AAGGCAAAGA GGTGTTCTC CTTCTGGATG1440
ATTCAATCCA AAGCCTTCCC ACCCAGGTGT TCTCTGAAAG CTTAGCCTTA AGAGAACACG1500
CAGAGAGTTT CCCTAGATAT ACTCCTGCCT CCAGGTGCTG GGACACACCT TTGCAAAATG1560
CTGTGGGAAG CAGGAGCTGG GGAGCTGTGT TAAGTCAAAG TAGAAACCTC CCAGTGTG1620

GTGTTGTGTA GAGAATAGGA CATAGGGTAA AGAGGCCAAG CTGCCTGTAG TTAGTAGAGA 1680
 AGAATGGATG TGGTTCTTCT TGTGTATTAA TTTGTATCAT AAACACTTGG AACAAACAAAG 1740
 ACCATAAGCA TCATTTAGCA GTTGTAGCCA TTTTCTAGTT AACTCATGTA AACAAAGTAAG 1800
 AGTAACATAA CAGTATTACC CTTTCAGTG TCTCACAGGA CATGTACCTA ATTATGGTAC 1860
 TTATTATGT AGTCACTGTA TTTCTGGATT TTTAAATTAA TAAAAAAAGTT AATTTTGGAAA 1920
 AATCAAAAAA AAAAAAAA AAAGTCGACC GGCAGCGAAT TTAGTAGTAG TAGTAGTAGT 1980
 AGTAGGC 1987

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1107 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 163

GGGCCGGGCA GCCCAGCTGA AGGCAATAAG CTGGGCTCAC CGCTGCAGCA GAGTTCTGTG 60
 CTAGCCGGGC ATAGGGGCGA GAGAAGGCC AGAGGCGACG TCAGAGAGAA GCAAATGCGC 120
 CCCGGTGAAG AGAACGCTCGC CCATCACCGG CTGGGAGCCA GCTTCAGTG AAGATGGCAG 180
 GGCCAGAACT GTTGCTTGAC TCCAACATCT GCCTCTGGGT GGTCTACCC ATCGTTATCA 240
 CTCTCGTAG ACATGATCCG CCACTACGTG TCCATCCTGC TGGAGAGCGA CAAGAAGCTC 300
 ACCCAGGAAC AAGTATCTGA CAGGGGACGA GGCACCCACA GTCCCTCTCC CATAAGCCTG 360
 CCAAGAAGAT TGATGTGGCC CGTGTAAACGT TTGATCTGTA CAAGCTGAAC CCACAGGACT 420
 TCATTGGCTG CCTGAACGTG AAGGCAGCTT TTTATGATAC ATACTCCCTT TCCTATGATC 480
 TGCACTGCTG TGGGGCCAAG CGCATCATGA AGGAAGCTT CCGCTGGGCC CTCTTCAGCA 540
 TGCAGGCCAC AGGCCACGTA CTGCTTGGCA CCTCCTGTTA CCTGCAGCAG CTCCCTCGATG 600
 CTACGGAGGA AGGGCAGCCC CCCAAGGGCA AGGCCTCATC CCTTATCCCG ACCTGTCTGA 660
 AGATACTGCA GTGAAAGCCC AAGTCCCTGG AAGCTTCCC CAGTGAAGGA CTGACTGGGG 720
 GCCTCACGCT TAACTGGTAG TGCCCCACAAG CCTGGCAGCT GTAGAGCCGC GAACCTCCCC 780
 ACACCTCCCT CACCGCGCAG GACCCTGAGT GAGGAGGAGG AGCTGGAAAC CTGGGGTGGG 840
 TTGGCCAAAG GAGAACCTCA AGCTCCTGGC CTGATCCAGC TCCTTCCCTGC CCAAGGCAGC 900
 TTAGCCCCATC CAGACTGGTC CTGAAGTCTG TCCCTCCATT GGCATGAAGT CTGCCCCCTTA 960
 GCAATCCGGC CTCGCAGGCT GTACTTTCAT GGTGCTCTCT ACCTTCTGGC CCCCCATCCCG 1020
 GAACATTCCCT GAGTGAATTG GCAAGCGCAC TAGCATGTGA TATTAGGGAG TTTGCAATAA 1080

ATTATTGAGG CTGATGTAAA AAAAAAA

1167

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1062 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 164

GTGAATATGT GTGTATATGT GTGTGTATGT GTGTGTGGGG TTTGGGGTAG AAGGGAGGGA 60
GGGGGCAGGA CAGTGTGAA TCTCTAGGGT GTATGGGTAG GTAGGGGGCA CAGTTAGTTC 120
TAAGTGGGCT TTTATGCTAA AAGCCTCTGG GGATATCTGT TTTGAAAATA AAGATAGGTG 180
TCCCCCTCTT GCTGTCATCT AGCCCAGACA CTCTGCTTGC TCTCTGGCTG TCTGCTCCCT 240
GGGAAGGCTT TAGGAGGACC ACCCAGGACA GGATGACCAT GCTGCCATCT GCTCTGGAGC 300
TGGGTCTCAG TGCAGAGGGA CAGTGAUTGT GGATGGTTGC AGTCTCTGGT GGGAGGTGAG 360
GATAGAAGTG ATAAAGAGCT AAGAGGAGCT TCTGGGAGCC TTGGAGGAGG TCAGTCTTGC 420
AGTGGTGAAG CCAGGACATA GGAGATGGAG CAGGGCTGTG AGAGGAGGAG ATTCTGAGGA 480
GGATGCAGGG GAAATCTTGT CTGTTAATGA AATAGGGGTG GGGTGGGGTT TGGGGTGGGG 540
TGGTCATTGC CGTTTGAGCT GCTGATTTC ATGAGTCGCC TTCAAAACTC TCGTGTAGGG 600
TTGACAATGT GGGGGGGTGG GGGATCCAGC TTATTCTTT ATTTCAAGT CCATTCTTGG 660
GGCTGGTGGG GAGGCAGGAG AATACCCCTC CCTAACCCCT TAGTGTGTGC CGAGCTTGCT 720
TTGTGATGTT GGCAGGGGAG GGGAGACCTG GGTGGTGACT GAGTTCCCTT TATCAAACCC 780
TTCAATGGGC ACAAAATTGA GTGCTTGATT TTAGGTTTA TTTTTTATG AATGTCCAAA 840
TCTGTGTTTC CCCCTGCCCT CCCAGACTGT GTGGCCAGTT GAAAGTGTCT GGTTTGTGTT 900
CATCTCTCCC TCATTTCTGG AGCAGGGCCT GAGACCCCTGC CACATCTCCT ATGCTCTGCA 960
TCCACGCCTC TTTGGACAT TAAAGGTTGA TTGATGCAA AAAAATAC AACGGGGTGG 1020
CTTGGGAAG CCTGGGTTG GCCGGCTTAT GGGGTTGCGG CG 1062

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2770 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 165

CTACTATGGA TAATTTCAA GTAGAACAC TCTATGCTTA GAGTTTGCG ACCAATGCTG 60
TAGGGCAGCA GAATCTATTC TCAGTAAAAT AACTTATGGT TTATTAGATA TTCTGTATTG 120
GATTTTACCA GCTTGACTTT TACTGCTCA G ATGCTTTCTT TCCCCCCCCTT AGACGCTGTA 180
ATTCTCTTGG GAAGAGTAAC TATTCTTAAG GTTTTACAG ATACCACCT TAGTTGTAAA 240
TTGGATAGTT TATATTCTG GGACTTTTA AATGAAAATG TGGAATGTTA AGTTACAAAAA 300
GACTTTCAT CAGAAAATT CAAACAAAGT AAACATGGCG TTTTATAGTC CTCTAAAATC 360
TAGGTGCTCC CACCCACCAA AGGCATATCC TGCAAAAGGGC TGTGAACAT CTTGGTGAAC 420
TGTCTTGGGT CCCCTTCCA TGTATGTTT CTTGTCACTG AAAACAAACA ACGCTGAGTT 480
TATCAAGAAA ATTTAAATTG GGGGATCATA ATAATTCCAA CCAAGTGACA ACTCTGACAT 540
CAAGGTTATT AGGAGCTGTA CATCCAATTG AAGTTTATT TGCTGCTATT CTGGGAGAAT 600
AAACTGTAT ATGGAGAATA AACTAATAAA CTTGTATCGA GGAAATCCAT AAAGTTATAA 660
ATTAGCCTGA AAAATATTG AGGTAATGGT GTGGATTGGC CTGCTTGAC TCTCAGCCAC 720
CAACAGAAAT CTTTGTCAACC TTTGTTCTC AGCTAAAAGT AATTGTTA TAAACACAAA 780
GTGACTTTAA ACAGGTAAAA AACCCATTCC TATTTTGTGTA CATTACAAA AGTTTTTCAT 840
ATACCTACAG AGCTAACTAA TTACAACGTGA TTTAATCCAC TCAAGTTAG ACCAGTTAAA 900
CCCATAGGAT CCTGTATGGT TATCAATGTG ATGCCTGCT TTTCATAAAA TAGGTATAAT 960
TGGGTACATAC ACTTGACGAG AGGGTGA CTTCTAGGGG AAGAAAACCC TTTAGATTG 1020
AGGTAACATT CACTTTTTT TTTTAAATA TACACTTAC ATTGTATAA ATTATGCAGG 1080
GTACTCCTAA CCCTGTAGAA ATGTATGACC TCTCACAAAG TTGAGATTG ATCCAAAGAG 1140
AAATGCAAGT ATAAAAGAAT TAGATACCTT ATTATCTTT AAGGTTTTT TTTTTTTTG 1200
GTAGAGATGG GGGTCTCACT GTGTTGCCA GGCTGGCTC AAACCTCTGG CCACAAGTGA 1260
TCTTCCTGCC TCAGCCTCCC AAAATGCTGA GATTACAGGC ATGAGCCACT GTACCCAGCC 1320
TTTCTTATA AAATTCAAAG AGAAAATTG TACACCTTA TCCCTCAAAT AAAACAAGTG 1380
CTCAGTTCTT ACCGTGCCCT TGCAAGGTCT ATATGTAAA GAAATCTGAA ATTTAGCTGT 1440
AGAATAAAAC TTGATAAATA AAAAGAAAAA ACATACATT CTCCAGTTGG TTTGCTCTT 1500
GCTTGTGAA GTAATAAACC GTTTAAAGA GAAAATACTT GCTGTAAACC CCCAGTGCT 1560
TCAACTCTT TGGCAGAATA TTTTAAAGA AATCCAGCAA GCAAACCTTG AGGTGCTAAT 1620
GAAAGTAAAG GAAGGTGGTA TTTCTAGTTT TGGCAGAAAT GAAAAGTGTGTC TCACAAGAGA 1680
CATCACTACC CACGTGGGGT CTGGCTGCTT TCTACCAAAG ACATTTAGAG AAGAAGTGAA 1740
TTGAGTCAGG GTGATGGTGA ACACTACATA TTTTATAGAT GGTAAAGTTG AGAATTAATT 1800

ATGTTTATCA TGGATGGCTA CTAATACCAA GCTCATGATT GTTGCAGCCT CAACGTCTTA1860
 GGCAGTAAAA CTTGTCTGCA GCACATAAAGG GGGAGAAACC CTTATATTTT GCAAACGTGTC1920
 CATTCTTAA ATTTATTGTA ACCTAATACC AAAACTGCC GTTTTCATA TTATTTCCCC1980
 ACCTCCTACT TTTTTGTTT TTTTTGCTA CTTGTAAAAT AACCCCTTCT AGAAAATAAG2040
 CATTAACTGG AATGTTCAA ACAATTTCGC TTCATTTAC TATCAGGCCAC TAGTGAACTC2100
 TTACAGAGAT GTACATTTAA GATAAAATTA GCTTGCTA AGTGTAA AAACATTGTT2160
 TACTGTTAAA GGGGAATTGC ACATTATATT TAACGGGAT TGCTCCCTCC CTCAGTTCTT2220
 TAAAAAACAA GAGTCAGGC TCACACCAAC TTGTTAGGCTG TGGGAGCTT GCCATAGGTA2280
 GATACAATGT AGAAGTATAAC TTTTTTAAAG CATGAAGAAG ACAAGGAAC TCATTATAAT2340
 GTACCAGGTA GAGGACATTA TTATCAGGAAAG GATTATGCAC AGCTCAGTGA AGATGAAGTT2400
 ACAATTTC TCGCAGCTT GTTGTATTAA TTTTCTTCCTG CATAAATGTA TGCTCATTTC2460
 ATTATGTGCC TTGCTCCCTG ATTGTGCAAA GCTATATATA TATATATATA TATAGATAGA2520
 TAGATAGATA GATATATGAG AGAGATATAT TCAGTACTAC TGAGGATGTT TTTCTGAGGA2580
 TGTTTTGTT CTGCTGGATT AAGTTATTTT CCAAGTTACT CTTGCCAGTT ATGTCAGTAA2640
 ACTATTGTAA TGGCTTAGCA CACTAGTCGT ACAGTCAGTG TAAATGTTT TCATTTACAT2700
 GTTTTCATTA TATCAGCTTA TCAAATCCTT AATAAATTTT ATTCAATAGAT TTCATTTAAA2760
 CAAAAAAAAA 2770

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 4242 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 166

GGCCATTGAC CCTAGAGGTG AAACCGAAGC TCTGATGGAC TCTCACAGCT GGAGATGAAA 60
 ATACGAGTTA TACACGGAGA ATGCAACCAC TGAGAAAACG GAACCGAATA GTCAAGAGGA 120
 CAAGAATGAT GGTGGAAAAT CAAGAAAAGG GAATATAGAA CTTGCCTCAT CAGAACCCACA 180
 GCATTTACA ACAACTGTGA CTCGATGCAG CCCGACCGTG GCCTTTGTGG AATTTCCCTC 240
 CAGCCCCCAG CTGAAGAATG ATGTGTCGGA AGAAAAAGAC CAGAAGAAC CAGAAAATGA 300
 AATGAGTGGAA AAGGTGGAGT TGGTGCTGTC ACAAAAGGTG GTAAAGCCAA AATCTCCAGA 360
 ACCCGAAGCA ACGCTGACAT TTCCATTCTC GGACAAAATG CCTGAAGCCA ACCAACTACA 420
 TTTGCCAAAT CTCAATTCTC AAGTGGATTG TCCAAGCAGT GAGAAGTCAC CTGTTATGAC 480
 ACCTTTAAG TTCTGGCAT GGGACCCAGA AGAGGAGCGC AGGCGACAGG AAAAATGGCA 540

ACAGGAACAG GAACGTTGC TCCAGGAGAG ATACCAGAAG GAGCAGGACA AGCTGAAAGA 600
AGAGTGGAA AAGGCCAAA AGGAGGTGGA AGAGGAAGAA CGCAGATACT ATGAGGAGGA 660
GCGTAAGATA ATTGAAGACA CTGTGGTCC ATTTACTGTT TCTTCAGTT CCGCTGACCA 720
GCTGTCTACC TCTTCCTCCA TGACTGAAGG CAGTGGGACA ATGAATAAGA TAGACCTGGG 780
AAACTGTCAA GATGAAAAC AAGACAGAAG ATGGAAGAAA TCATTCAGG GAGATGACAG 840
TGACTTATTG CTGAAGACTA GGGAAAGTGA TCGACTGGAG GAGAAGGGCA GCCTAACTGA 900
AGGGGCCTG GCTCATTCTG GGAACCCGT ATCAAAAGGA GTCCATGAAG ACCATCAGCT 960
GGATACCGAG GCTGGGGCCC CACACTGTGG AACAAACCCA CAGCTTGCTC AGGATCCATC1020
CCAGAACATCAG CAGACATCAA ATCCAACGCA CAGTTCAGAA GATGTGAAGC CAAAAACCT1080
CCCGCTGGAT AAAAGCATTA ACCATCAGAT CGAGTCTCCC AGTGAAGGGC GGAAGTCTAT1140
AAAGTGGAAAG AAGCTGTGCT CTTCTGTGG GCTTCCTTTG GGTAAAGGAG CTGCAATGAT1200
CATCGAGACC CTCAAATCTCT ATTTTCACAT CCAGTGTTC AGGTGTTGAA TTTGTAAAGG1260
CCAGCTTGGAA GATGCAGTGA GTGGGACGGA TGTTAGGATT CGAAATGGTC TCCTGAACGT1320
TAATGATTGC TACATGCGAT CCAGAAAGTGC CGGGCAGCCT ACAACATTGT GACACGGCTT1380
TCAAGCTTCC GGATCACTCA CCATTTCTT ACTGAGAGTG TCCCCTGGCA ACTGCTAAC1440
AAAATCCCAA GCTCAGGGC TTCTCAGCAT TTACCTAATT TCTGAAAGGC TCTTCTGAAA1500
GGTGGTATCT GTTCTTCGT AGCACAGTGT TTATGTTTT CCTGTTTATT GTTTGGGTT1560
TTTGTTTTTT TTTTGCATT TGACAGTAT ACACAAAAGA ATATGGGTT GTAATGATCC1620
TGAATAGCTC AAAAAAGGTT TTAGCATGGT CAAACAGGCT TATGTTTAA AATGTGTTAT1680
TCTCTTCTT GGGATTAGC TAAATGATGC ATAACACCTG TTTTGTAA GAATGTCTAG1740
GAATTAAACA CTTTATGTT ACAGAATTGA GCTGCAGAAA GTGCAAGACA TGCCAATTG1800
AGACACACGG TCTTCTAAGA CTGAAGGATA AATTTAATGC ATTTCAAGAA CTAAACATCA1860
CAGCAAGCTC TATCTCTGAG CTATAATTG TTTTTAATGC AAAGACACTA GTTTGATAAT1920
ATATACTGTA ATCCGTAAAC ATTTGTGTTA CTTACCTTG GAGGTAGAAA TTATACCAAT1980
AAATTATTGC ACCGTTAGTA TTAGATTCTG TGACCTTGAG AAGTTATGTC ATTAATATAG2040
GCTGGTTCAT CAAATAAAGC AAAACCTTGC AATATCAGCT AGATTACAC TCCGGGACGT2100
TGCCCAAAGG TAGGAAGAAA GCAGAGGGAA ATATTCAGT CATCATTCC AAAGTCATTA2160
TCAAAATCTG TGAGGAAGTT TAATCTTCA AAGAGTCAT GTCAGACATC AGGCCTCTGT2220
TGCCTGCTTC TCTCGAGGCA CTAGATTAGG AGTCTTCAAT AAGAGACTTA ACATGAGGTA2280
TATGGAAGAT GAGGCACCGA GATAAGTTCA TCATTAGGTG TGAGCACTGC TCACCCCTGC2340
TGGCAAGTTC TCTTAAGGG CCTGAAGCAC AGGTGTCCAA AGAAAAGCGT TAAGTCCATC2400
TTAATAGAAT CTATGTGGT TATGATGTGG TCAGCCCCCTG GTCTGTGATC AGCAAGAAC2460
TACAGCACAG ATTATGCCCT GCCCACTTCA ATGAATACCT ACTCTCCATC2520
ACTTTTTTG CTATCAAGAA CTCCGGACCT TGCCCATGGA GAAGTTAGA GAGGAACCT2580
TGTGGAGAGC TGGTTTATT TCTGCCCTGT GCGACGAGTT TCAGCTGGCC AAGAAAGGAG2640
TCAAGTTATT AAAAAGCATC ACAATGTAGA TCTCCAGGCT GGTTTTTGT TTTTGTGTT2700
TAAGACTGGG GAAAGGGGAA CTATTATTC TGCCCTAAAT CAATGGCAA TAAGTCAAGA2760
TGACATTTTG TGAATGTAGA CTATGGATAC ACTCTTAATA GATTGATGTA GTCATAAAAG2820
GGGGTCAAGT AGATGTTTT CTGTTATGTA AGCAATAATT TTTCCGTGTC TTATTGAGTA2880
TGGCTAGCGA TTATTTATTA CATGCTAGAT GGGTTCTTG CATGTGGGTT CCATATAGGT2940
GCAGAAATTG CCTCAGCCAC TGGAGGGATT TCGACCATAT TTGTCATTG GATGAGCTGT3000
TATTAGATTG AAATCTACAC ATCATTTCAT TAAAAATTGT GCCTTAGAAA ACGCAAAGCT3060
GTTGCACATG GCGATAAAATT ATGGATGCAG TACATTGAAG AGAGATGAAG TCACTTCAA3120
GTTTCCAAGA CTTCTCATGG AGGTGTTTG TGTTTACAG GAAAAAATAA AAATAAAAAA3180
AGAAAAAAA GAGAAAAAAT TAAATTCAA AATTGTTTG AAAATGTACA GATCAAGTCC3240
AATATTTGA TTATCCACCT GCATGTTTA TTAAATATT TGATAATGTC GATGTTACA3300
CTTGCATGA TATTAGCAGA GTACCACTAG TAATGCACAA ACATGTACAA TATGGTCATT3360
CATAACCGAT TTTATAGAA TACTTTTAC ATGTGCAACT CCATCCGTTA TGTAAGGATT3420
ACATGAATAT TGCACATTCC CTTCTGGTTT CACAAACCCA TTTATACATA TTTCTTAGTG3480
AGGCTCATTG TACATGTATT GAAGCTAGAA TCGAGTCAG AAAATAAAG CCCCATTC3540
CAACTGCAAAT ATGTGCTTCC CACATAATGAA CACTAGTCAC CAGCACAGAA TAATCTCAA3600
CATTTCCTAA ATTCTAATTG CCAACTGTTT CTATTATAT TTGATTATA TTTCATTTGG3660
AGTCTGTTAC ATGGCAGCTT AGGCAGACTA GATCTGTGTT TTTCCAATGC AGCATAATGA3720
GTATGATCTA TTTCTTTCA AATAATCTT GAGATCCAG GAAAAAAAAT ATGCTCTGCT3780
CCATTGAGCT ATAATGTAAA TGTGTTGTT TAAAAAACAG GTGAGGCAAG TGAGTGTATT3840
ATTGTTCTG AGGAAGTATA TCTGATT TTTCTCATAC TCCAAAAGCT AGTCCCTACT3900
CTTTAATAAA ATAATGGGT AACTTTTGT TTTCACTAG CGAACTTCCA TGACATTCC3960

TTTCTATGTA GTGTGATTAA TGCAATAACAT ATTATAGTTA TCTATACACA GTGTAAGATT4020
 TAACAAACTG AAATGATCCA CCTCATATGT GAGTCGTCC AAAAGATGTT ACTGCTCTGG4080
 GTGGGCCAGT GTTCTATATC GGTTATACTA ACTTTCATTT AAAGTATTTA TTCTAAAATG4140
 CCTCTGAGAA ACAGTAAAAA ATAAAAAACAA CAAGTTGTCT AAAATGCAAC AGCTTTATA4200
 GTAAATGTAC ATTTATAAAAT AAAATACTCA AATCAAAAAA AA 4242

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2640 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 167

CTAGCAAGCA GGTAAACGAG CTTTGACAA ACACACACAG ACCAACACAT CGGGGGATGG 60
 CTGTGTGTTG CTAGAGCAGA GGCTGATTAA ACACTCAGTG TGTTGGCTCT CTGTGCCACT 120
 CCTGAAAAT AATGAATTGG GTAAGGAACA GTTAATAAGA AAATGTGCCT TGCTAACTGT 180
 GCACATTACA ACAAAAGACT GGCAGCTCCT GAAGGAAAAG GGCTTGTGCC GCTGCCGTTC 240
 AAACCTGTCA GTCAAACCAT GCCAGCAGCC TCAGCGTCTG CCTCCCCAGC ACACCCTCAT 300
 TACATGTGTC TGTCTGGCCT GATCTGTGCA TCTGCTCGGA GACGCTCCTG ACAAGTCGGG 360
 AATTCTCTA TTTCTCCACT GGTGAAAGA CGGGATTCT CCCTGCTTCT CTTCTGTAC 420
 CCCCCTCCCT CTCCCCCAGG AGGCTCCTTG ATTATGGTA GCTTTGGACT TGCTTCCCCG 480
 TCTGACTGTC CTTGACTTCT AGAATGGAAG AAGCTGAGCT GGTGAAGGGA AGACTCCAGG 540
 CCATCACAGA TAAAAGAAA ATACAGGAAG AAATCTCACA GAAGCGTCTG AAAATAGAGG 600
 AAGACAAACT AAAGCACCAG CATTGAAGA AAAAGGCCCTT GAGGGAGAAA TGGCTTCTAG 660
 ATGGAATCAG CAGCGGAAA GAACAGGAAG AGATGAAGAA GCAAAATCAA CAAGACCAGC 720
 ACCAGATCCA GTTCTAGAA CAAAGTATCC TCAGGCTTGA GAAAGAGATC CAAGATCTG 780
 AAAAGCTGA ACTGCAAATC TCAACGAAGG AAGAGGCCAT TTTAAAGAAA CTAAAGTCAA 840
 TTGAGCGGAC AACAGAAGAC ATTATAAGAT CTGTGAAAGT GGAAAGAGAA GAAAGAGCAG 900
 AAGAGTCAT TGAGGACATC TATGCTAATA TCCCTGACCT TCCAAAGTCC TACATACCTT 960
 CTAGGTTAAG GAAGGAGATA AATGAAGAAA AAGAAGATGA TGAACAAAAT AGGAAAGCTT1020
 TATATGCCAT GGAAATTAAA GTTGAAGGAG ACTTGAAGAC TGGAGAAAGT ACAGTTCTGT1080
 CTTCCAATAC CTCTGGCCAT CAGATGACTT TAAAAGGTAC AGGAGTAAA GTTTAAGATG1140
 ATGGGCAAAA GTCCAGTGTAA TTCAGTAAAG TGCTAATCAC AAGTTGGAGG TCAATGGCAC1200
 CGATGGCCTG GCACCAGTTG AAGTAGAGGA ACTTCTAAGA CAAGCCTCAG AGAGAAACTC1260

TAAATCCCCA ACAGAGTATC ATGAGCCTGT ATATGCCAAT CCCTTTACA GGCCTACAA_C1320
 CCCACAGAGA GAAACGGTGA CCCCTGGACC AAACCTTC_A GAAAGGATAA AGATTAAA_AC1380
 TAATGGACTG GGTATTGGTG TAAATGAATC CATAACAAT ATGGGCAATG GTCTTCAGA1440
 GGAAAGGGGA AACAACTTCA ATCACATCAG TCCCATTCCG CCAGTGCCTC ATCCCCGATC1500
 AGTGATTCAA CAAGCAGAAG AGAACGTTCA CACCCCGCAA AAAAGGCTAA TGACTCDTTG1560
 GGAAGAATCG AATGTCATGC AGGACAAAGA TGCAACCTCT CCAAAGCCAA GGCTGAGCC1620
 CAGAGAGACA ATATTGGGA AATCTGAACA CCAGAATTCT TCACCCACTT GTCAGGAGGA1680
 CGAGGAAGAT GTCAGATATA ATATCGTTCA TTCCCTGCCT CCAGACATAA ATGATAACAGA1740
 ACCGGTGACA ATGATTTCA TGGGGTATCA GCAGGCAGAA GACAGTGAAG AAGATAAGAA1800
 GTTCTGACA GGATATGATG GGATCATCCA TGCTGAGCTG GTTGTGATTG ATGATGAGGA1860
 GGAGGAGGAT GAAGGAGAAG CAGAGAAACC GTCTACCCAC CCCATAGCTC CCCATAGTC1920
 GGTGTACCAAG CCAGCCAAAC CAACACCCT TCCTAGAAAA AGATCAGAAG CTAGCCTCA1980
 TGAAAACACA AATCATAAAAT CCCCCCACAA AAATTCCATA TCTCTGAAAG AGCAAGAAGA2040
 AAGCTTAGGC AGCCCTGTCC ACCATTCCCC ATTGATGCT CAGACAACTG GAGATGGGAC2100
 TGAGGATCCA TCCTTAACAG CTTTAAGGAT GAGAATGGCA AAGCTGGGAA AAAAGGTGAT2160
 CTAAGAGTTG TACCACCTAT ATAAACATCC TTTGAAGAAG AACTAAGAA GCATTTGCAA2220
 ATTTCTCTTC TGGATATTTT GTTATTTTT TCTGAAGTCC AAAAAATTAT CATTACAGTG2280
 TACCATATTA AGCCATGTGA ATAAGTAGTA GTCATTATTT GTGAAAATT CCCAAAAGC2340
 TGGGGAAAAC AAATGTGTAA CTTTCCAGT TACTTGACAC GATTCACTG GGGAAAACCA2400
 GCATTTTTA TTCTATTGAT ACCAAAGCAT TTCTAATAAG AGCTTGTAA ATTTAAGAAT2460
 AAAGTTATTAA AAAATATTCT GAGTATAGTA TATTAACTGG CATTGTAATT TTGATGATAC2520
 AAAGATTGAA AGATCATAGG AAAGCATTGC CCTTCATCAC AGAAGTATTG AACTCTGACA2580
 AATAAATATG TCATCCTGAA TTAATAATGC CTTAATAAAA GTACATCCTC CTGCTAAAA2640

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1558 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 168

GCGAGGAGCT GGCACGCAGC CAGGGCCTT GCTCAAGAAG CCATACCAGC CAAGAATTAA 60
 AATCTCTAAA ACATCAGTGG ATGGTGATCC CCACCTTGTG GTGGATTTC CCCTGAGCAG 120
 ACTCACCGTG TGCTCAACA TTGATGGGCA GCCCGGGGAC ATCCTCAGGC TGGTCTCTGA 180

TCACAGGGAC TCTGGTGTCA CAGTGAACGG AGAGTTAATT GGGGCACCCG CCCCTCCAAA 240
 TGGCCACAAG AAACAGCGCA CTTACTTGC G CACTATCACC ATCCCATCA ACAAGCCAGA 300
 GAGATCTTAT CTCGAGATCA CACCGAGCAG AGTCATCTT G ATGGTG GGG ACAGACTGGT 360
 GCTCCCCTGC AACCAAGAGTG TGGTGGTGGG GAGCTGGGG CTGGAGGTGT CGGTGTCTGC 420
 CAACGCCAAT GTCACCGTCA CCATCCAGGG CTCCATAGCC TTTGTCTGC TCATCCACCT 480
 CTACAAAAAG CGGGCGCCCT TCCAGCGACA CCACCTGGGT TTCTACATTG CCAACAGCGA 540
 GGGCCTTCC AGCAACTGCC ACGGACTGCT GGGTCAGTTC CTGAATCAGG ATGCCAGACT 600
 CACAGAACGAC CCTGCAGGGC CCAGCCAGAA CCTCACTCAC CCTCTGCTC TTCAGGTGGG 660
 AGAGGGGCCT GAGGCCGTCC TAACAGTGA AGGCCACCAA GTCCCAGTGG TCTGGAAGCA 720
 AAGGAAGATT TACAACGGGG AAGAGCAGAT AGACTGCTGG TTTGCCAGGA ACAATGCCGC 780
 CAAACTGATT GACGGGGAGT ACAAGGATTA CCTGGCATCC CATCCATTG ACACAGGGAT 840
 GACACTTGGC CAGGGAAATGT CCAGGGAGCT CTGAAGCTGG CAGCCTTAAA GATGCAAGTG 900
 CATGAAGGAC AGTGATGTGG GGAGGCCGTG GGGCAGCTCT TTTCATGGCT TGTACACGCC 960
 TCAGCTCTG GCAATTAGCT GGACTCCATG ACCCACCCCT GGTGCAGCAT AGATCCGACG1020
 TCTGTCTGGG CGAAGGGTAG GGGTGGGTAG GGGCGGGGAG CCTGAGTGC AATGTCATT1080
 CCCTCTACTG CCTCTTCCTG CCTCTCCCCA CCCTGCCAC ATCCACAGAG GGGAGAGAAG1140
 GGTCTAGCT AAATGCAACA AAGTCTGTAT CTTGTCCCAA CCTGCTTTT TGTTCTGTTA1200
 GCATATCATA AAGTAAGCCT TTCTGGTGA GGAAGGTTGC TATGAAACTT TTTTCTGG1260
 TGGAAATGGC CAAGTTAGG CACTCTGCTT TTTGCCTTAC ACTAATGCTT AGAAAGCTGT1320
 CTTTCAGTG GTGTTGCAGC CCCCAGATGT GTGGCCAACC TCTGCTGCAA AGGAATCTCT1380
 TGCTGAGTCC AGGCCACCAA TCAGGCAAAT AGCCCATAACA TTTGATCGTT GTAAACCATG1440
 AAGTCTTTTC TTGCAAGACG TTTTCTTCT GCTGTGGTAT CTTGCCCTTA AAAATTAGTT1500
 TTCATTAAGAA AGAAATTGTA TTGAAAATAA AAAACCGGAA TGAAAAAAA ATTGTTTT 1558

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1388 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 169

CGGGGTTCAC TGTGTTGGCC AGGCTGGTCT CGAACCTCTG ACCTCATGAT CTGCCCGCCT 60
 CAGCCTCCCA AAGTGCTGGG ATTACAAGTG TGAGGCCACCA CACCTGGCCT GGAAGGAACC 120
 TCTTAAATC AGTTTACGTC TTGTATTTG TTCTGTGATG GAGGACACTG GAGAGAGTTG 180

CTATTCCAGT CAATCATGTC GAGTCACTGG ACTCTGAAAA TCCTATTGGT TCCTTTATTT 240
 TATTTGAGTT TAGAGTTCCC TTCTGGGTTT GTATTATGTC TGGCAAATGA CCTGGGTTAT 300
 CACTTTCCCT CCAGGGTTAG ATCATAGATC TTGGAAACTC CTTAGAGAGC ATTTTGCTCC 360
 TACCAAGGAT CAGATACTGG AGCCCCACAT AATAGATTTC ATTTCACTCT AGCCTACATA 420
 GAGCTTCTG TTGCTGTCTC TTGCCATGCA CTTGTGCAGT GATTACACAC TTGACAGTAC 480
 CAGGAGACAA ATGACTTACA GATCCCCCGA CATGCCTCTT CCCCTGGCA AGCTCAGTTG 540
 CCCTGATAGT AGCACGTTTC TGTTTCTGAT GTACCTTTT TCTCTTCTTC TTTGCATCAG 600
 CCAATTCCCA GAATTTCCCC AGGCAATTG TAGAGGACCT TTTGGGTC CTATATGAGC 660
 CATGTCCTCA AAGCTTTAA ACCTCCTTGC TCTCCTACAA TATTCACTAC ATGACCACG 720
 TCATCCTAGA AGGCTCTGA AAAGAGGGGC AAGAGCCACT CTGCCACAA AAGGTTGGGT 780
 CCATCTCTC TCCGAGGTTG TGAAAGTTT CAAATTGTAC TAATAGGCTG GGGCCCTGAC 840
 TTGGCTGTGG GCTTGGGAG GGGTAAGCTG CTTCTAGAT CTCTCCAGT GAGGCATGGA 900
 GGTGTTCTG AATTTGTCT ACCTCACAGG GATGTTGTGA GGCTGAAAAA GGTCAAAAAAA 960
 TGATGGCCCC TTGAGCTCT TGTAAGAAAG GTAGATGAAA TATCGGATGT AATCTGAAAA1020
 AAAGATAAAA TGTGACTTCC CCTGCTCTGT GCAGCAGTCG GGCTGGATGC TCTGTGGCCT1080
 TTCTGGGTC CTCATGCCAC CCCACAGCTC CAGGAACCTT GAAGCCAATC TGGGGGACTT1140
 TCAGATGTTT GACAAAGAGG TACCAAGCAA ACTTCCTGCT ACACATGCCC TGAATGAATT1200
 GCTAAATTTC AAAGGAAATG GACCTGCTT TTAAGGATGT ACAAAAGTAT GTCTGCATCG1260
 ATGTCTGTAC TGTAATTTC TAATTATCA CTGTACAAAG AAAACCCCTT GCTATTTAT1320
 TTTGTATTAA AGGAAATAA AGTTTGTCTT GTTAAAAAAA AAAAAAAA AAAAAAAA1380
 AAAAAAAA

1388

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2416 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 170

GTCCCTGGCG CCCTGCCTTT AGCCGTGGGG CCCCCACCTC CACCCCTCTGG GTTTCCTAGG 60
 AATGTCCAGC CTCGGAGACC TTCACAAAGC CTTGGGAGGG TGATGAGTGC TGGTCCTGAC 120

AAGAGGCCGC TGGGGACACT GTGCTGTTT GTTTCGTTTC TGTGATCTCC CGGCACGTTT 180
 GGAGCTGGGA AGACCACACT GGTGGCAGAA TCCTAAAATT AAAGGGAGGCA GGCTCCTAGT 240
 TGCTGAAAGT TAAGGAATGT GTAAAACCTC CACGTGACTG TTTGGTGCAT CTTGACCTGG 300
 GAAGACGCCT CATGGGAACG AACTTGGACA GGTGTTGGGT TGAGGCCTCT TCTGCAGGAA 360
 GTCCCTGAGC TGAGACGCAA GTTGGCTGGG TGGTCCACAC CCTGGCTCTC CTGCAGGTCC 420
 ACACACCTC CAGGCCTGTG GCCTGCCTCC AAAGATGTGC AAGGGCAGGC TGGCTGCACG 480
 GGGAGAGGGA AGTATTTTGCGA CGAAATATGA GAACTGGGGC CTCCTGCTCC CAGGGAGCTC 540
 CAGGGCCCCT CTCTCCTCCC ACCTGGACTT GGGGGGAACT GAGAAACACT TTCTGGAGC 600
 TGCTGGCTTT TGCACCTTTTG TGATGGCAGA AGTGTGACCT GAGAGTCCCA CCTTCTCTTC 660
 AGGAACGTAG ATGTCGGGGT GTCTGCCTCT GGGGGGCTTG GAACCTCTGA AGGTGGGGAG 720
 CGGAACACCT GGCATCCTTC CCCAGCACTT GCATTACCGT CCCTGCTCTT CCCAGGTGGG 780
 GACAGTGGCC CAAGCAAGGC CTCACTCGCA GCCACATTCTT CAAGAGCTGC CTGCACACTG 840
 TCTTGGAGCA TCTGCCTTGT GCCTGGCACT CTGCCGGTGC CTTGGGAAGG TCGBAAGAGT 900
 GGACTTTGTC CTGGCCTTCC CTTCATGGCG TCTATGACAC TTTTGTGGTG ATGGAAAGCA 960
 TGGGACCTGT CGTCTCAGCC TGTTGGTTTC TCCTCATTC GCTAAACCCCT GGGGTAGGTG1020
 GGACGGGGGG TCTCGTGCCT AGATGAAACC ATTTGAAAC TCGGCAGCAG AGTTTGTCCA1080
 AATGACCCCTT TTCAGGATGT CTCAAAGCTT GTGCCAAAGG TCACCTTTCT TTCTGCCTT1140
 CTGCTGTGAG CCCTGAGATC CTCCCTCCAG CTCAAGGGAC AGGTCTGGG TGAGGGTGGG1200
 AGATTTAGAC ACCTGAAACT GGGCGTGGAG AGAAGAGCCG TTGCTGTTTG TTTTTGGGA1260
 AGAGCTTTA AAGAATGCAT GTTTTTTCC TGTTTGGAAAT TGAGTAGGAA CTGAGGCTGT1320
 GCTTCAGGTA TGGTACAATC AAGTGGGGGA TTTTCATGCT GAACCAATTCA AGCCCTCCCC1380
 GCCCGTTGCA CCCACTTTGG CTGGCGTCTG CTGGAGAGGA TGTCTCTGTC CGCATTCCCG1440
 TGCAGCTCCA GGCTCGCGCA GTTTCTCTC TCTCCCTGGA TGTTGAGTCT CATCAGAATA1500
 TGTGGGTAGG GGGTGGACGT GCACGGGTGC ATGATTGTGC TTAACCTGGT TGTATTTTC1560
 GATTTGACAT GGAAGGCCTG TTGCTTGCT CTTGAGAAATA GTTCTCTGTC TCCCCCTCGC1620
 AGGCCTCATT CTTGAACAT CAACTCTGAA GTTGTATACA GATAGGGGCT TGATAGCTGT1680
 GGTCCCCTCT CCCCTCTGAC TACCTAAAAT CAATACCTAA ATACAGAACG CTTGGCTAA1740
 CACGGGACTT TTAGTTGCG AAGGGCCTAG ATAGGGAGAG AGGTAACATG AATCTGGACA1800
 GGGAGGGAGA TACTATAGAA AGGAGAACAC TGCTACTTT GCAAGGCCAGT GACCTGCCTT1860
 TTGAGGGGAC ATTGGACGGG GGCGGGGGG GGGGGTTGGG TTTGAGCTAC AGTCATGAAC1920
 TTTTGGCGTC TACTGATTCC TCCAACCTC CACCCACAA AATAACGGGG ACCAATATTT1980
 TTAACCTTGC CTATTGTT TTGGGTGAGT TTCCCCCTC CTTATTCTGT CCTGAGACCA2040
 CGGGCAAAGC TCTTCATTG GAGAGAGAAG AAAAAGTGTG TGGAACCCACA CCAATGATAT2100
 TTTTCTTGT AATACTTGA ATTATTTTT TTATTATTT GATAGCAGAT GTGCTATTAA2160
 TTTATTTAAT ATGTATAAGG AGCCTAAACA ATAGAAAGCT GTAGAGATTG GGTTTCATTG2220
 TTAATTGGTT TGGGAGCCCTC CTATGTGTGA CTTATGACTT CTCTGTGTTG TGTGTATTG2280
 TCTGAATTAA TGACCTGGGA TATAAAGCTA TGCTAGCTT CAAACAGGAG ATGCCTTCA2340
 GAAATTGTA TATTTGCGAG TTGCCAGACCA AATAAAATAC CTGGTTGAAA TACAAAAAAA2400
 AAAAAAAAAA CTCGAG

2416

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2720 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 171

GGAGCTGTCC CTGACTNTGC AGGCCTGAGC GAGTGTGTGA GCATGCAGGG ACATGGGTGT 60
 GTATGGCACA CATAGGTGCG TGTGTGTCTT TTGTATTTT TCTCTTCAA GGAGCTGTGT 120
 CAGTGTGGAC GTTCTGTTTC AGGGAGTTGG AAAGGAGGGT GTCTGCAGAA GGTGGAGAGC 180
 AGGGGCAGAG GCCCCACTGG CCACCCCCCTG CTTCCCAGAG TGAAACCTTG TGCTGGTGA 240
 CCAAAGTCCC TCCAAAGTGC TCTTCCTTCT GGGTTATTCA AGCCAAATAT CTGGGTTTCC 300
 CCCTCTCCTC ATTCCCTAGC AAACCCCAAT TATCTTCAA GATAGGAGAT ATTTCCCATC 360
 CCCTTCCTTT GTAAATATCT CATCTCCCAC TGGAGAGGCC AGGAGCCTAT TCCTGGCATG 420
 GATGTCTGT CCACACTTGA GGCTGGCGG TGTATCAGAC CCTTCAGCA GCCTGGCTGG 480
 GGGCCAGGAC TGAGTCTGGG GTCAGCTTTC ACGGTCGCTT TTCCCTTCCT CACCACCCAC 540
 CACAGCCCAC CTTGCATGCA TGGCCAGCCC CTCCACTCCA GCCTGAGCCA TGTGTGCC 600
 TGCGGGAGGA CCCATTCACTG CCAGAAAGCT GGTAACCTCCC TCCCAGCATC CCTGCGGAAG 660
 GAGTCAGTTT CTGAGAGTGT GACTTTCAA GGCAGAATGAT GGGGAAGGGT TCCCCAGTCC 720
 CCACAGTGGC CCCACCTCTG GGCCCTGCAC CAGAGCCCTT CTGTGTACG GCAGGGCTGTG 780
 CACCCATGCA CACACCTACG CACACACAAC ACTCCGCACT GCAGTATATT CTTGCCAAAG 840
 ATTTCTTTA AAAGCAAGCA CTTTACTAA TTATTATTT GTAAATGTTT ATCTTCTTCT 900
 GTCTTCTCCC TCCCTGAATC TATTTACTG TTGTTTATTG TTGAATCTGT GTGTCAGCCA 960
 GGAGAGCGCT GTCTGGCCTT GAACATGGC TGGGATGGGA AAGGGTCTGG GAGAAGATGG1020
 GCAACAAAGA GCCAGGGAGT CATGGACATC GCAGCGACGC AGACCCCAGC AGGTTCAGTC1080
 CCGTGCTGCC ACCAGCTGTC CAGCTGGGTG TCTGGAGGGAGA AGAGGGCAGA GGAGGGTCAT1140
 GTCCCTTCAG CTGGGGAGG GGCCAGTGA GCTCCACGTG GCTTTTCCC AAAGGGAGCA1200
 AGAGGGAAGG ATTGGCGAG AAAACAATGG AGAGGGGACC TGCAGAAGGAA AACAGGGAGG1260
 AAGTGAGCGG TTTGATCAGC CTGCTATCAC GGTGTTCTGG CTCTCTTATT TAGCCAGGGC1320
 CTTAAGGGAC AGATAACATCA CATCTTAAGT TTGGGAAAGG CTTTGACCC ATGTCATCTG1380
 AGCGTCTCCT CCAGTAGCTC TGAAAGCTGT GGACACCAAT GGCCAGGATT CTTCTCCCC1440
 TGGTTTTGA GGATCCCTGG GTCTCTGAG ACTGGCCAGG AGAGGGATGG TGGGGCCAGT1500
 GGTTGTGTGA AAGCAGGAGG GGCAGCCCTC CTGGACAAGT GTGATCCCC TATAAACGGC1560
 TCTCAGGAGG TTAGTGTGAGTA GGAGATTCTG CTTGTTCTG ATGAGCCTGT GCAGGGGCTC1620
 CAGGGGAGCA TGCTGTCCAG GGGGCACAGA AGGGTGGTGA GTGTGATCAA ATCTAGTCTC1680
 ACTCCCACCTT TTTTAGTCTC ACTCCTACTT TTGTCCACCA CCCCTGCCTC CTGGATCTC1740
 TCCCACCTTT TTTTCAGCT TTAGGACCTG GGGAGATCCT GTGAGTCAAG GCAGACACCC1800
 AATCTGCCC CCACACTCGG GGGTCCTCCC AAGAGGTTGG GGGGCAGAGT CCCAGAGCAG1860
 CCCTTACCC CAGGTCCAGG CCCTGGAATC CTGAGACTCG CGTTTCTTG GCCAGTGGTA1920
 ACACAGGACG TGTGTGCGCA TGTGCAAGTG TGGATGTATG TGTGTGCGTG TGTTTGCTC1980
 ATTTCTTAG GGAACCTTGGG AGTCGGGGTT GGAGGTGCTG GGCAATGGAA CTTCAAATTC2040
 AATGTCGCC AGCAGTGAGG GGAGTCGGGA GGTGAGGCT GTAGGCCAAC CAATTGGTGG2100
 AGTCTCAGCG ATAGCCCAGG TGAGAAGTGG TTCACCCAGA GGGGCAGGGT GGGGGCCTCG2160
 GGCAGATCTG TCCCTCTTGG GCACCCCTGT CCTCAAATGT CAAAATGTT GGAGGACCTC2220
 TGTTCATATC CCACGCCCTGG GCTCTTGCCTA GCAGTGGAGT TACTGTAGAG GGATGTCCCA2280
 AGCTTGTGTTT CCAATCAGTG TTAAGCTGTT TGAAACTCTC CTGTGTCTGT GTTTGTTG2340
 TGCCTGTGTG TGAGAGCACA TCAGTGTGTG CAGGCTGTGT TTCCCCATTT CTCTCCTCCC2400
 TTCAGACCCA TCATTGAGAA CAAATGTAAG AAATCCCTC CCACCAACCT CCCTGCCTCC2460
 CAGGGCCTCT GCGGGGGAAA CAAGATCACC CAGCATCCTT CCCCCACCCCA GCTGTGTATT2520

TATATAGATG GAAATATACT TTATATTTG TATCATCGTG CCTATAGCCG CTGCCACCGT2580
 GTATAAATCC TGGTGTCTGC TCCTTATCCT GGACATGAAT GTATTGTACA CTGACGGTC2640
 CCCACTCTG TACAGCTGCT TTGTTTCTTT GCAATGCATT GTATGGCTTT ATAAATGATA2700
 AAGTAAAGA AAACTAAAAA 2720

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2987 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 172

CTCAATGCAG AGGATTTAAC CTAAAAGCAT ACAGAAATGC AGCTGAAATT GTGCAGTATG 60
 GAGTAAAAAA TAACACCACT TTTCTGGAGT GTGCCCCCAA GTCTCCGCAG GCATCTATCA 120
 AGTGGCTGTT ACAGAAAGAC AAAGACAGGA GGAAAGAGGT TAAGCTGAAT GAACGAATAA 180
 TAGCCACTTC ACAGGGACTC CTGATCCGCT CTGTTCAGGG TTCTGACCAA GGACTTTATC 240
 ACTGCATTGC TACAGAAAAT AGTTCAAGC AGACCATAGC CAAGATCAAC TTCAAAGTTT 300
 TAGATTCAAGA AATGGTGGCT GTTGTGACGG ACAAAATGGTC CCCGTGGACC TGGGCCAGCT 360
 CTGTGAGGGC TTTACCCCTTC CACCCGAAGG ACATCATGGG GGCATTCAAGC CACTCAGAAA 420
 TGCAGATGAT TAACCAATAC TGCAAAGACA CTCGGCAGCA ACATCAGCAG GGAGATGAAT 480
 CACAGAAAAT GAGAGGGGAC TATGGCAAGT TAAAGGCCCT CATCAATAGT CGGAAAAGTA 540
 GAAAACAGGAG GAATCAGTTG CCAGAGTCAT AATATTTCT TATGTGGGTC TTATGCTTCC 600
 ATTAAACAAAT GCTCTGTCTT CAATGATCAA ATTTTGAGCA AAGAAACTTG TGCTTTACCA 660
 AGGGGAATTA CTGAAAAAAGG TGATTACTCC TGAAGTGAGT TTTACACGAA CTGAAATGAG 720
 CATGCATTTT CTTGTATGAT AGTGAATAGC ACTAGACATG TCATGGTCCT CATGGTGCAT 780
 ATAATATAT TTAACCTAAC CCAGATTTA TTTATATCCT TATTCAACCTT TTCTTCAAAA 840
 TCGATATGGT GGCTGCAGAA CTAGAATTGT TGCATCCCTC AATTGAATGA GGGCCATATC 900
 CCTGTGGTAT TCCTTTCTG CTTTGGGGCT TTAGAATTCT AATTGTCAGT GATTTTGAT 960
 ATGAAAACAA GTTCCAAATC CACAGCTTTT ACGTAGTAAA AGTCATAAAAT GCATATGACA1020
 GAATGGCTAT CAAAAGAAAT AGAAAAGGAA GACGGCATT AAAGTTGTAT AAAAACACGA1080
 GTTATTCTATA AAGAGAAAAT GATGAGTTT TATGGTTCCA ATGAAATATG TTGGGGTTTT1140
 TTTAAGATTG TAAAAATAAT CAGTTACTGG TATCTGTCAC TGACCTTTGT TTCCTTATTC1200

AGGAAGATAA AAATCAGTAA CCTACCCCCAT GAAGATATTT GGTGGGAGTT ATATCAGTGA1260
 AGCAGTTGG TTTATATTCT TATGTTATCA CCTTCCAAAC AAAAGCACTT ACTTTTTTG1320
 GAAGTTATTT AATTATTTT AGACTCAAAG AATATAATCT TGCACTACTC AGTTATTACT1380
 GTTTGTTCTC TTATTCCCTA GTCTGTGTGG CAAATTAAAC AATATAAGAA GGAAAAATT1440
 GAAGTATTAG ACTTCTAAAT AAGGGGTGAA ATCATCAGAA AGAAAAATCA AAGTAGAAC1500
 TACTAATTTT TTAAGAGGAA TTTATAACAA ATATGGCTAG TTTCAACTT CAGTACTCAA1560
 ATTCAATGAT TCTTCCTTT ATTAAAACCA GTCTCAGATA TCATACTGAT TTTTAAGTCA1620
 ACACTATATA TTTTATGATC TTTTCAGTGT GATGGCAAGG TGCTGTGTTAT GTCTAGAAC1680
 TAAGAAAACA ATATGAGGAG ACATTCTGTC TTTCAAAAGG TAATGGTACA TACGTTCACT1740
 GGTCTCTAAG TGTAAGAGTA GTAAATTGG TGATGAATAA AATAATTATC TCCTAATTGT1800
 ATGTTAGAAT AATTTTATTA GAATAATTTC ATACTGAAAT TATTTCCTCC AAATAAAAAT1860
 TAGATGGAAA AATGTGAAAA AAATTATTCA TGCTCTCATA TATATTTAA AAACACTACT1920
 TTTGCTTTT TATTACCTT TTAAGACATT TTCATGCTTC CAGGTAAAAA CAGATATTGT1980
 ACCATGTACC TAATCCAAAT ATCATATAAA CATTTTATTT ATAGTTAATA ATCTATGATG2040
 AAGGTAATTA AAGTAGATTA TGGCCTTTT AAGTATTGCA GTCTAAAAT TCAAAAACTA2100
 AAATCATTGT CAAAATTAAT ATGATTATTA ATCAGAATAT CAGAATATGA TTCACATT2160
 AACTATGAT AAATTATGAT AATATATGAG GAGGCCTCGC TATAGAAAA ATAGTTAAA2220
 TGCTGACATA ACACCAAATC TCATTTTTA AAAAATCTGT TGTTCCAAT GTGTATAATT2280
 TTAAAGTAAT TTCTAAAGCA GTTTATTATA ATGGTTGCC TGCTAAAAG GTATAATTAA2340
 ACTTCTTTTC TCCTCTACAT TGACACACAG AAATGTGTCA ATGTAAGGCC AAAACCATCT2400
 TCTGTGTTA TGGCCAATCT ATTCTCAAAG TTAAAGTAA AATTGTTCA GAGTCACAGT2460
 TCCCCTTATT TCACATAAGC CCAAACGTAT AGACAGTAAC GGTGTTAGT TTTATACTAT2520
 ATTTGTGCTA TTTAATTCTT TCTATTTC CAATTATTAAT ATTGTGTACA CTTTCATTAC2580
 TTTAAAAAT GTAGAAATTTC TTCATGAACA TAACTCTGCT GAATGTAAAAA GAAAATTTT2640
 TTCAAAAT GCTGTTAATG TATACTACTG GTGGTTGATT GGTTTATTT TATGTAGCTT2700
 GACAATTCAAG TGACTTAATA TCTATTCCAT TTGTATTGTA CATAAAATT TCTAGAAATA2760
 CACTTTTTC CAAAGTGTAA GTTTGTGAAT AGATTTAGC ATGATGAAAC TGTCATAATG2820
 GTGAATGTTC AATCTGTGTAA AGAAAACAAA CTAAATGTAG TTGTCACACT AAAATTAAT2880
 TGGATATTGA TGAAATCATT GCCCTGGCAA AATAAAACAT GTTGAATTCC CCAAAANNGT2940
 NCTTNAAAAA GANGACTTGC AGGGTGCACA GTCAGAAATT GAGGCAA

2987

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 892 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 173

TTTTTTGGG AGGCAGAGTC TCCCTTGTC GCCAGGCTGG AGTGCAGTGG TGCCATCTG 60
 GCTCACTGCA GCACTGTCTC GGCTCACTGC AGCCTCCGGC CTCCCGTATT CAAGCGATT 120
 TCCTGTCTCA GCCTCCTGAG TAGCTGGAC TACAGGTGTG CACCACCAAG CCCGGCTAAT 180
 TTTTGTTATT TTAGTAGAGA CGGGGTTCA CTGTGTTGGC CAGGATGGTC TCAATCTCGA 240
 CCTCGTGATC CNGCCCACCT TGGCCTCCCA AAGTGTGTTGGG ATTACAGGCN GTGACTCACC 300
 ATGCCAGCC ACTTAGTTT TTCTTATTCC CACCTTTCTA TCCCATAGAA CACTCTTTT 360
 TATCTCCCT GAACCANTAT TGNATGAGAT AAATANGGGC TGGGGGCTGG GNCCCCGCNT 420
 GNGTCACNTC AACANGAGTN ATTTNCCCTT GGNCCGNAGA TNNGAAGTTT TGTNCCCAAT 480
 ANGATGNAGC TGCTNGAGTA TCAACAAGGN TGACATTTT CTGNCTGNCC CNATTGTGT 540
 CCTGGNNNAG ACNGGTTNGGT ACCCTGAAGG NCAGANGGCC NAGCTGCCGC AAGACAGCAA 600
 NTGACAGTCC ACCTGCCGAC CTGATTCTG CATCATGGAA TAANCCACNA TGGCTACCTT 660
 CTATCCTCTG TTNCCCAAAT GGTGGNNTGG CACTTATCCT GAAGTCGTCTN AATGATTTCC 720
 CTTTGNAAAC TACTTTATT TACTAATTAA AACTATTTG TACTGATGTA GCCCTGAGGT 780
 ANGTCATGA AAATGCTGTG CACTCATTCC NATGGAATAA ATGTTGGAAA GCTGATCTTT 840
 TCTGATATAA AATGTTGAAT GATANAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AA 892

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1679 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 174

GCACCCACTG GAAACACAGA CGGCACCTCTG CGAAAGAGGA AGGGGCGCCA GGAGCTTGG 60
 TTAGAAAATC GAAGCTTCAA GAACAGACTT GCCTAACAAAC AGGAAACTTG TATGTCTCGA 120

AGTGGCAATT CACACATAAG GCTCCATGAC TCCTGAACGC CTCACAAATA TTAGTTGGCT 180
CTTTTCAATGG TTTTACTGAA CTTGCTAGAA GTTTACAGGC AAGGAAGTGC AGGAACATTT 240
CACAAATCTA CAATCTGTGA GTATCACATC CTGTATAGCT GTAAACACTG GAATAAGGAA 300
GGGCTGATGA CTTTCAGAAC ATGAAGGTAAG TAGAAACCG TTGATGGGAC TGAGAAACCA 360
GAGTTAAAAC CTCTTTGGAG CTTCTGAGGA CTCAGCTGGA ACCAACGGGC ACAGTTGGCA 420
ACACCACATCAT GACATCACAA CCTGTTCCAATGAGACCAT CATACTGCTC CCATCAAATG 480
TCATCAACTT CTCCCAGCA GAGAAACCCG AACCCACCAA CCAGGGCAG GATAGCCTGA 540
AGAAACATCT ACACGCAGAA ATCAAAGTTA TTGGGACTAT CCAGATCTTG TGTGGCATGA 600
TGGTATTGAG CTTGGGGATC ATTTTGGCAT CTGCTTCCTT CTCTCCAAAT TTTACCCAAG 660
TGACTTCTAC ACTGTTAAC TCTGTTACC CATTCTAGG ACCCTTTTT TTTATCATCT 720
CTGGCTCTCT ATCAATGCC ACAGAGAAAA GGTTAACCAA GCTTTGGTG CATAGCAGCC 780
TGGTTGGAAG CATTCTGAGT GCTCTGTCTG CCCTGGTGGG TTTCATTATC CTGCTGTCA 840
AACAGGCCAC CTTAAATCCT GCCTCACTGC AGTGTGAGTT GGACAAAAAT AATATACCAA 900
CAAGAAGTTA TGTTTCTTAC TTTTATCATG ATTCACTTAA TACCACGGAC TGCTATACAG 960
CCAAAGCCAG TCTGGCTGGA ACTCTCTCTC TGATGCTGAT TTGCACTCTG CTGGAATTCT1020
GCCTAGCTGT GCTCACTGCT GTGCTGCGGT GGAAACAGGC TTACTCTGAC TTCCCTGGGG1080
TGAGTGTGCT GGCCGGCTTC ACTTAACCTT GCCTAGTGTAA TCTTATCCCT GCACTGTGTT1140
GAGTAGTGTCA CCAAGAGTGG TAGAAGGAAC AACCAAGCCAA TCACCGAGATA CACATGGGAG1200
GGCATTGCA TTGTGATGGA AGACAGAGAA GAAAAGCAGA TGGCAATTGA GTAGCTGATA1260
AGCTGAAAAT TCACGGATA TGAAAATAGT TAATCATGAG AAATCAACTG ATTCAATCTT1320
CCTATTTTGT CAGCGAAGGG AATGAGACTC TGGGAAGTTA AATGACTGGC CTGGCATTAT1380
GCTATGAGTT TGTGCCTTG CTGAGGACAC TAGAACCTGG CTTGCCCTCCC TTATAAGCAG1440
AAACAATTTC TGCCACAAAC ACTAGTCTCT TTAATAGTAT TGACTTGGTA AAGGGCATT1500
ACACACGTAA CTGGATCCAG TGAATGTCTT ATGCTCTGCA TTTGCCCTG GTGATCTTAA1560
AATTCTGTTTG CCTTTTAAAGTATTTAA AAATGTATTG TTGAATCAAA AAAAAGG1620
GAGTGAGAGG TGGGGTGGGG GGGGGGAGGA GGGGGGGCCG TTTAGGGGGG GCCGGGTTT 1679

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2411 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 175

TTCCAACGTT CCCCTTGCCTT AAAATGTCTT GGCACAAACCAT GGAAGCTTTG ATGCAAGAAC 60
 CCTGTTGTAC TGGAGTTTC CTCCCCGTG AAAACGTAAC TTACTGTTGG GAGTGAATTG 120
 AGGATGTAGA AAGGGTGGTG GAACCAAATT GTGGTCAATG GAAATAGGAG AATATGGTTC 180
 TCACTCTTGA GAAAAAAAACC TAAGATTAGC CCAGGTAGTT GCCTGTAACT TCAGTTTTC 240
 TGCCTGGTT TGATATAGTT TAGGGTTGGG GTTAGATTAA GATCTAAATT ACATCAGGAC 300
 AAAGAGACAG ACTATTAACT CCACAGTTAA TTAAGGACGT ATGTTCCATG TTTATTTGTT 360
 AAAGCAGTGT GAATAGCCTT CAAGCATGTG ATAATCTTC CATCTTCCCC GCCACACATA 420
 CACACACACA CTTTTGTTT CTTTCAGGTA GACACCTTT AAAATGCAGA ACTAACTGAG 480
 GCATTTCACT AACTTTGCTT TCAAATCAAT AAAGTCAAAT GTATGAAAC ATTTTGTGCC 540
 CTACTCTCCA TACCCCGTGT ACTCAAATTC TCTACTGTAT GAATTATGCT TTAAGTAGAA 600
 TTCAGTGCCA AGGAGAACTT GGTGAAATAA ATTATTTAA TTTTTTTTTT ATCCTTTACA 660
 AAGCCATGGA TTTTATTTGG TTGATGTGTG CTCTGTACAC AAGCCATTTC AATAGGATGG 720
 AGCTGTTAAT TATTTTCAAAGAGTAATAG ACATGCAAAA GTTCAATAA AAACGGGCC 780
 ATTAACAAAT AAATTAATAA ACTAATAAGC ATTCCTTCT AGGTTTTGC CAAACTGCCT 840
 ATCCAATAAC AAATTTGAGA ATCGTTGAAA AAGCTAGTTA TATTCAGAG AAATGATT 900
 CATTATTGAA ACTGTTCTCC CTAGCAGGCC ATTTTCCCTT TTTCTGGGA GTTTAGCAAG 960
 TTTAGGAGAG AATAGTCATG AAAAGAAAGG GAAGAAAGGG GAGAAGGGAA GAGGTTAAA 1020
 AGTAAGTGCT CAGACCTATG AACGTAATCC CTTGCTAGA AATATTTAAG AGCAGCTCAG 1080
 CTTGGTTGAA ACTGAGTTT GTCTCTTCC ATATTTGCAAG GAAGGTTATTT TCTGACTTGC 1140
 AATGCAGCTA GATGTTAAAT TTTATTTAT CATACTAGAA AGCCTGACT AGAAAAATGA 1200
 ATAAATATTG AGGGTTTCCT GTCCATATCT GGCTTGCATG TGCCAGAAAG CAGAGAATAG 1260
 AAAATGTAAT CTCCAACATC CAAGCATCGA AACCCAAGGG GTAGGCAATT CTATGTAGGT 1320
 TTTGGACATG AAGTTGGTG CATCTGGTT TATGCTGGCT CAACTGCTAT TAAACCTCTC 1380
 TGGCTTATAG TCTCTTCATT CTATTAGACA AGCACGTATC GAACACTTGC TTGCGACAAG 1440
 GCTCTTAGT TAACAATTAA GCAGCTACTG TTTGTGTTAA ACACACTTTT CACCAAAATAG 1500
 GTTCTGAGGC AAACGAGAGC AATGACTATT TAAAGAAAGG CTTTCCCAGC ATCACTTACA 1560
 CATCCAAAAA CTAAAAAGAT CAACTCTTCC AACTGAGAAA AGACTCCTGG CTTTGAATGG 1620
 AAACCTACAG CAGAGAGTC CAGGCCACGG CAACAACAAC GACAACAACA AACATTTGGA 1680
 ATATTATTCT CAACTCACGT TTTAATAATA CATCTTATTA TTTTTCTAGT AGAGAAACTA 1740
 CAAATCAGCC TCTTCAACAT TTATATACAG TTTAATAAGC CTCTGCAAG TTACTTGTTC 1800
 TCTCACCTGA GGTATTTTTT TCCTCCCCAC CTTGCCCCCTG TTCTCTCCCTT CCTCTTCTCC 1860
 CTTTGAAGA GGAAATATT AACATATTG GGTCCAACCTT CAATAATGTA ATAATTAAATA 1920
 CATTAAAAGC ATTTAACTTC CTTTCTAGAA AAATGCACAG GCTAAGGCAT AGACAAAACA 1980
 AAGAGAAATG CTGAGAAATT TGCCACTGG AACAAGCAAT CTGAATAAAAT ATTGCCAAA 2040
 AGTTCTTTT ATGTCATATA GTGTCAGGAT TTGAAGGAGC TATTTTTTTT TAATGTTGCA 2100
 ACTAGCAACT CATCTCGGA AGACACAGCC AGGAGAATGA AGTAGAAGTG AAAGGTTTAT 2160
 AAATCCATTG GTAAGCATTG ATCCCATATA TTTTAAATTCAAGAAAAAATT GTGTTTATCT 2220
 TTAGAATTAA GTATTCAATA CTTTATGTAC TATGTCACCTC ATGCTCTGG ATAAATAAAG 2280
 CACCAAAATAT GTATCTGTAA CCACAATCAC ACATATTATA TTAAATATAT ATCTATATAA 2340
 CAGCCAAAAA AAAAAAAA AAACACAAAGA AAAAGAAAGG GAGAGGGGGG GGGAGAGAAG 2400
 GGGGGGGAGG T

2411

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 3450 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 176

CTCGTCCCAA ACCAGGACAC CCTCTCTACA GTAAATACAT GCGTGGGGAT GTACTTGTGA 60
TGCTGAAGCA GACGGAAAAT AATTACTTGG AGTGCACAAA GGGAGAAGAC ACTGGCAGAG 120
TTCACCTGTC TCAAATGAAG ATTATCACTC CACTTGATGA ACATCTTAGA AGCAGACCAA 180
ACGATCCAAG CCACGCTCAG AAGCTGTTG ACAGTGGTGC TCCTCATGCT GTCGTTCTC 240
ATGATTTCCC AGCAGAGCAA GTTGATGATT TGAACCTCAC TTCTGGAGAA ATTGGTTTAT 300
CTTCTGGAGA AGATAGATAAC AGATTGGTAC AGAGGGAACT GTAGAAACCA GATTGGCATA 360
TTTCTGCCA ACTATGTCAA AGTGATTATT GATATCCCAG AAGGAGGAAA TGGGAAAAGA 420
GAATGTGTTT CATCTCATTG TGTTAAAGGC TCAAGATGTG TTGCTCGGTT TGAATATATT 480
GGAGAGCAGA AGGATGAGTT GAGTTCTCA GAGGGAGAAA TTATTATTCT TAAAGAGTAT 540
GTGAATGAGG AATGGGCCAG AGGAGAAGTT CGAGGCAGAA CTGGGATTTT CCCCCTGAAC 600
TTTGTGGAGC CTGTTGAGGA TTATCCCACC TCTGGTCAA ATGTTTTAAG CACAAAGGTA 660
CCACTGAAAA CCAAAAAAGA AGATTCTGGC TCAAACCTCTC AGGTTAACAG TCTTCCGGCA 720
GAATGGTGTG AAGCTCTCA CAGTTTACA GCAGAGACCA GTGATGACTT ATCATTCAAG 780
AGGGGAGACC GGATCCAGAT TCTGGAACGT CTGGATTCTG ACTGGTGCAG GGGCAGACTG 840
CAGGACAGGG AGGGGATCTT CCCAGCAGTG TTTGTGAGGC CCTGCCAGC TGAGGCAAAA 900
AGTATGTTGG CCATAGTACC GAAGGGCAG GAAGGCCAAA GCCTTATATG ATTTCCGAGG 960
GGAGAATGAA GATGAACTTT CCTTCAAGGC TGAGAGATA ATAACAGAGC TGGAATCTGT1020
AGATGATGAC TGGATGAGTG GAGAACTTAT GGGAAAATCT GGAATATTTG CCAAAAACTA1080
CATACAGTTT CTACAGATCA GCTAGAGGAG AAGCTTGTCT GTGTTCTTG GCACAAGAAC1140
TCACCTGAAC TATCACCTTG ACTATCAGAT ATGTTTTGC ACTATTTTTT TTAACTGAAA1200
AAGAAATATC TAAGCTGTAC ATGGTACACT AGAATTTCT GAAAGCAGAA AACGTTCAAGA1260
TTTTGTAGTT AATTTTCATT ACAATAGAAA CATGCACATG GAAACCCATG AGCTAGGATT1320
CTACCGAGGA AAACATCTAG TGGGATTAGC AAGGTGAAGG GAAAGCATCT GGTGGCATGG1380
CAGCATGGGG AGGCTCACAC ACAGAAGTTG CACGTGGACA TCTGTTTAA TCAGCACAAG1440
TGAATTAACC ATGCTTCTTC ATTTTTTAC TTTAGTTAAA AAAGAGGACA TTTAATATTC1500
TACATGCTGT AACTATCAGG ACATGGTTAG CAATCTCAAT TTCATTTTG ATATTCAAAT1560
TAATTCTTAC AGCTTGAGCA TATCAGCCTT ATTACCAGAG CAAATCCTTC CTTCAGATGG1620
GATAGTTTAC TGACTAGTTG GAGCATTGT AAGCACATGG TGAATCAGC CCCTGCCAC1680
CAAATAATC TTTATGTTAC CAAGTGATTC CCATTTGTCT AAGGATTGAA AGGGGGTCTA1740
AATTGGATGT ATCTTAGTCT AAAGAACCAA AACCATCCCT GAAATGCCCT GCTAATACAA1800
CTAACCTTC CATATATGTG CCATACTTAT TTTTTCTCAGTGTATACT TTATGTTAAC1860
AGGGTTATTA CAAAGCACAT TTCTGAATC TGCAATCATT CCTTTGACAA TTACTGGACC1920
CAAAGGAAAA TTCATTTCT TTGCATTATT CCAGTAATAT ATAAAAAACTG TGTCTTGTTA1980
TAGTAGTACA TTATGAATCA CATATAAAAT CTTACAATAC AGAACAACTG TTAAGATGGA2040

AAACAGTGCC AAACCTCCAC AGCTCATTTC TTTGTAATAT AATCAGAATG AAAAATAATT2100
TAAGAGGACA GAAGACTGGT ACTTTTTGT TTTATTTTT CTCTAGCTTA TCCCTGCACA2160
ATTATTAGAG TGAATGAAAA ACCACTTCC TGCTTCCAT TGTTATAAAT TCTAAGCTTA2220
AGATAAAAAGT GGTTCTTAC ATGACTGAAT CAATTACAAT TTATGGGCTA GAGCCAATA2280
GGTTGAAGAC AATCATCCAA ACAGATCAAT GGAATAGAAT TTCATTGGAA ATGTAACACA2340
CTTTCCCAAC AATGGTCATG ACTTTCTTCT GTTTTGAGA AGAGTTCAT ATGCTGGACC2400
ACATTTTAGC TTTTATTGTT TTTTTTTCC CATTGTCCAA AAAGTTAACG AACAAAGTGGC2460
CACACTTTA CGTGAECTACA ACCTGGAGTT CTGCAAAGAA GGTAAATATTT ACTTGGTCTT2520
TGACTAAAGT TATCTCCCCA TTCTATGGTT ACATTTTATT TTGGACTATG GGGACTTCTA2580
ATACGTTTG GTAAAGAAGA GAGTATAAAG AAAATTCTTG TCAAATTCA CTCAAAAGTA2640
ATTTCATGAG AAATCAATGA TTTAAAGCAT TATCCAATT AAATTATCAT TTGCAGCAAA2700
CTGTACAACA GCAGGAAGGA TATGAAATGG AACATGAGGT ATATATCTT GCCTTTATAA2760
TTTTAACATC TTATATTGAA GATTCTGAAA ACCTATCTT ATTAGAGGAA AATCTCAATC2820
TTCAGTTTG GCCTTCTGTC ACCAGAATGA TAAGTGAAT AGTTGTAAT CTACTTGACA2880
CTGTAATAAA CTGAACTGAA CTTTCAAAT CCCTTCTCA TACTAGACTG AGTTTTTGA2940
GAATGGAGGT GGAACCTTT TTTTTTTTT TTGTGAGACA GGATTAATT CCCTTCGACC3000
CAGGCTGGAG TGCAATGCAA TGTTGGCTCA CTGCAGCCTC TGCCTCCTGG GGCTCAAAGT3060
GATTCTCCTG CCACAGCCTC CTGAGTAGCT GGGACTACAG GCGCACACCA CCCGTGCCA3120
GCTAATTCTT GGTATTTTTT TTTCTTTTG TAGAGACAGG GTTTCGCCAT GTTCCCAGG3180
CTGGGTTTCA AACACCTGGG CTCAAGCAGT CTGCCTGCT CAGCCTCCA AAGTGCTGGT3240
AATACTGCAC CTGGGCCTGT GGTACCTTAT TTATCTTGT ATCTCTAGTC CTTTGCACCA3300
TTCAGCCTCA ATAAAGGTG GTTGGTGGGT TGGGTGAGTT GGTTGGTTGG AATGGATGGA3360
TGGATGGATG AATGACTTTC ACATACAGCA ATACCATCTT GGATTCACTC AATATCTTC3420
CTCTTAATT TTTGACATAA ATCTATACTA

3450

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 874 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 177

CGGGGGCGAG CCGGGCCTGC GCGGTAGTGG GACCCGACCC TGTCTCCAGT GGGCGTCTTG 60
 GGGCCC GGCT CTATTCTGGG CTGCGGGCCT GGGAAAGGGCT CGCCGGGTGC CAAATGAGCT 120
 GTCCTAACTC TGCGGGGCTG CAGCTTCCTG CATGATGCTG GGGAGCTTGG CGCCTGACCC 180
 AGGATCTAGA AGGCACACTTG GGCAGGCCGC GCTCCGCCCA CGAAGGTACC CAACCCCTCTG 240
 GGATAGATGC AGGAAGCGAT GGTAAAGACC CATTTCACC CAACTTCTCG CCGCAGTCTG 300
 GCTTACCAACA CGCTCCTCCC CATTCCAGT GAGCCGCTTT TTGCAGCACCC AGGCGAACAC 360
 TTACACCAAGT GCTTTGTAAA GGAATCTTAT TGTCCACCCCC GTGTCTTGGC AAAAGAACAG 420
 TGATCACACA GATTCTACT TGGGCTCTT CCTTTAACCT TCAGGAGGCTG AGTTTGCCCA 480
 ACTCAGGTTT AACCAACCAAG GACTCTGAGA GCTGGCAGGT CTGAGTAACC CTGGTAACAA 540
 TTCTCTTCAC CTTATCAAAA CCTGAGCTAA AACCAATGCA TCAGCTGATG ATGACAGCAG 600
 AGAGTGGCAG GGCTGAGGAC CCAAAGTCAT TTCCCAGGCT GGCAGGAAAT AAACATGCCAG 660
 GGAGAAGAAAT GAGAAGACAG GAGACAAACT GTTTGGAAAG CTAATCTTC CCTCTTAATG 720
 AATAAAGGTT TTTGCCTTGT CTTAAAAAAAT AACAGGAAGA AGCAGGGAAA AATAAATAAC 780
 TTATGGTAAT CTGGAATTGT ATTTGTAAAT ATTAAGTGT TTGAACCTCT AACATTAC 840
 TTCCCCAAAAA ATCGAACCTT CAGGTTCAA AAAT 874

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3265 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 178

TACTTCTGCA TGATGACAGA AGCCGAGCAG GACAAGTGGC AGGCTGTGCT GCAGGACTGC 60
 ATCCGGCACT GCAACAATGG AATCCCTGAG GACTCCAAGG TAGAGGGCCC TGCGTTCAACA 120
 GATGCCATCC GCATGTACCG ACAGTCCAAG GAGCTGTACG GCACCTGGGA GATGCTGTGT 180
 GGGAAACGAGG TGCAGATCCT GAGCAACCTG GTGATGGAGG AGCTGGGCC TGAGCTGAAG 240
 GCAGAGCTCG GCCCGCGGCT GAAGGGAAA CCGCAGGAGC GGCAGCGGCA GTGGATCCAG 300
 ATCTCGGACG CCGTGTACCA CATGGTGTAC GAGCAGGCA AGGCGCGCTT CGAGGAGGTG 360
 CTGTCCAAGG TGCAGCAGGT GCAGCCGGCC ATGCAGGCCG TCATCCGAAC TGACATGGAC 420
 CAAATTATCA CCTCCAAGGA GCACCTTGCC AGCAAGATCC GAGCCTTCAT CCTCCCCAAG 480
 GCAGAGGTGT GCGTGCAGGAA CCATGTCCAG CCCTACATCC CATCCCATCCT GGAGGCCCTG 540

ATGGTCCCCA CCAGCCAGGG CTTCACTGAG GTGCGAGATG TCTTCTTCAA GGAGGTACAG 600
 GACATGAACC TGAACGTCAT CAACGAGGGC GGCATTGACA AGCTGGCGA GTACATGGAG 660
 AAGCTGTCCC GGCTGGCGTA CCACCCCTG AAGATGCAGA GCTGCTATGA GAAGATGGAG 720
 TCGCTGCAC TGGACGGGCT GCAGCAGCGA TTTGATGTGT CCAGCACGTC CGTGTCAAG 780
 CAGCGAGCCC AGATCCACAT CGGGGAGCAA ATGGACAATG CCGTGTATAAC GTTCGAGACC 840
 CTCCCTGCACC AGGAGCTGGG GAAGGGGCC ACCAAGGAGG AGCTGTGAA GTCCATCCAG 900
 CGGGTCTCTGG AGCGGGTGCT GAAGAAATAC GACTACGACA GCAGCTCTGT GCGGAAGAGG 960
 TTCTTCCGGG AGGCGCTGCT GCAGATCAGC ATCCCGTTC TGCTCAAGAA GCTGGCCCT1020
 ACCTGCAAGT CGGAGCTGCC CCGGTTCCAG GAGCTGATCT TCGAGGACTT TGCCAGGTT1080
 ATCCTGGTGG AAAACACGTA CGAGGAGGTG GTGCTGCAGA CCGTCATGAA GGACATCCTG1140
 CAGGCTGTGA AGGAGGCCG GGTGCAGAGG AAGCACAACC TCTACCGGGA CAGCATGGTC1200
 ATGCACAACA GCGACCCCAA CCTGCACCTG CTGGCCGAGG GCGCCCCCAT CGACTGGGGC1260
 GAGGAGTACA GCAACAGCGG CGGGGGCGGC AGCCCAGCCC CAGCACCCCG GAGTCAGCCA1320
 CCCTCTCGGA AAAGCGACGG CGCGCCAAGC AGGTGGTCTC TGTGGTCCAG GATGAGGAGG1380
 TGGGGCTGCC CTTTGAGGCT AGCCCTGAGT CACCACCACC TGCGTCCCCG GACGGTGTCA1440
 CTGAGATCCG AGGCCTGCTG GCCCAAGGTC TGCGGCCTGA GAGCCCCCA CGAGCCGGCC1500
 CCCTGCTCAA CGGGGGCCCC GCTGGGGAGA GTCCCCAGCC TAAGGCCGCC CCCGAGGCCT1560
 CCTCGCCGCC TGCCTCACCC CTCCAGCATC TCCTGCCTGG AAAGGCTGTG GACCTTGGGC1620
 CCCCCAAGCC CAGCGACCAG GAGACTGGAG AGCAGGTGTC CAGCCCCAGC AGCCACCCCG1680
 CCCTCCACAC CACCACCGAG GACAGTGCAG GGGTGCAGAC TGAGTTCTAG GCCAGTGGGT1740
 CCCTGACTGC TGCACATGGC ACAGGCCGTT CCCTTCCCGGA CCCAGGCAGG CTCAGCTCTG1800
 GGGAGGGCAC CCTGGTCTGT GCCTTGTGGG TGGAGGGGG GCAGGGCTGT GTGGCACCCG1860
 CAGGGAGCGG GCCCACCTGA GTCACTTAT TGGGTTCACT CAACACTTTC TTGCTCCCTG1920
 TTTTCTCTTC TGTGGGATGA TCTCAGATGC AGGGGGCTGGT TTTGGGGTTT TCCTGCTTGT1980
 GCCAAGGGCT GGACACTGCT GGGGGGCTGG AAAGCCCCTC CCTTCCCTGTC CTTCTGTGGC2040
 CTCCATCCCC TCATGGGTGC TGCCATCCTT CCTGGAGAGA GGGAGGTGAA AGCTGGTGTG2100
 AGCCCAGTGG GTTCCCGCCC ACTCACCCAG GAGCTGGCTG GGCCAGGACC GGGAGAGGGAA2160
 GCACTGCTGC CCTCTGGCC CTGCTCCTTC CGCAGTTAGG GGTGGACCGA GCCTCGCTT2220
 CCCCCACTGTT CTGGAGGGAA GGGGAAGGAG GGGGTCTTC GGCTGGAGCC AGGCTGGGG2280
 TGCTGGGTGG AGAGATGAGA TTTAGGGGT GCCTCATGGG GTGGGCAGGC CTGGGGTGA2340
 ATGAGAAAGG CCCAGAACGT GCAGGTCTGC GGAGGGGAAG TGTCTGTGAGT GAAGGAGGG2400
 ACCCCCCATCC TGGGGGATGC TGGGAGTGAG TGAGTGAGTG AGATGGCTGA GTGAGGGTTA2460
 TGGGGAGCCT GAGGTTTAT GGGCTGTGT ATCCCCCTTC CCTCGCCCTTCC2520
 CCTCTGCCCG CCTGGCCAC AGGTCTCCCT CTGGTCCCTG TCCCTCTGGT GGTTGGGAT2580
 GGAGCGGCAG CAAGGGGTGT AATGGGGCTG GGTTCTGTCT TCTACAGGCC ACCCGAGGT2640
 CCTCAGTGGT TGCCTGGGA GCCGGACGGG GCTCCTGAGG GGTACAGGTT GGGTGGGCC2700
 TCCCTGAGGG TCTGGGTCA GGCTTGGCC TCTGCTGCT CTCAGTCACC AAGTCACCTC2760
 CCTCTGAAAA TCCAGTCCCT TCTTGGATG TCCCTGTGAG TCACTCTGGG CCTGGCTGTC2820
 GTCCCTCCTC AGCTTCTGT TCCCTGGACA AGGGTCAAGC CAGGATGGGC CCAGGCCTGG2880
 GATCCCCCAC CCCAGGACCC CCAGGCCCTC TCCCTGCTG CTTTGCAGGG GGCAGGGCAG2940
 AAATGGACTC CTTTGGGTG CCGGAGGTGG GGTCCCCCTCC CAGCCCTGCA TCCTCCGTGC3000
 CGTAGACCTG CTCCCCAGAG GAGGGGCCTT GACCCACAGG ACGTGTGGTG GCGCCTGGCA3060
 CTCAGGGACC CCCAGCTGCC CCAGGCCCTGG TCTCTGGCGC ATCTCTTCCC TCTTGTCCCG3120
 AAGATCTGCG CCTCTAGTGC CTTTGAGGG GTTCCCATCA TCCCTCCCTG ATATTGTATT3180
 GAAAATATTA TGCACACTGT TCATGCTTCT ACTAATCAAT AAACGCTTTA TTTAAAGCCA3240
 AAAAAAAAAG AGGGCGAAAA AAGGG

3265

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

- (A) LÄNGE: 262 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 179

SLCVFPSSAA SFLSFLALVV AATMNNKKKP FLGMPAPLGY VPGLRGATG FTTRSDIGPA 60
RDANDPVDDR HAPPGKRTVG DQMKNQAAD DDDDELNDTN YDEFNGYAGS LFSSGPYEKD 120
DEEADAIYAA LDKRMDERRK ERREQREKEE IEKYRMERPK IQQQFSDLKR KLAEVTEEW 180
LSIPEVGDAR NKRQRNPRYE KLTPVPDSFF AKHLQTGENH TSVDPRQTQF GGLNTPYPGG 240
LNTPYPGGMT PGLMTPGTVS WT 262

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

(A) LÄNGE: 467 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 180

HTLSRWTKHS IPRWNDARTD DTWHSELDMR KIGQARNL DMRLSQVSDS VSGQTVVDPK 60
GYLTDLNSMI PTHGGDINDI KKARLLLKV RETNPHHPPA WIASARLEEV TGKLQVARNL 120
IMKGTEMCNK SEDVWLEAAR LQPGDTAKAV VAQAVRHLPQ SVRIYIRAAE LETDIRAKKR 180
VLRKALEHVP NSVRLWKAAC ELEEPEDARI MLSRAVECCP TSVELWLALA RLETYENARK 240
VLNKARENIP TDRHIWITAA KLEEANGNTQ MVEKIIDRAI TSLRANGVEI NREQWIQDAE 300
ECDRAGSVAT CQAVMRAVIG IGIEEEDRKH TWMEDADSCV AHNALECARA IYAYALQVFP 360
SKKSVWLRAA YFEKNHGTR SLEALLQRAV AHCPKAEVWL LMGAKSKWLA GDVPAARSIL 420
ALAFQANPNS EEIWLAAVKL ESENDEYERA RRLLAKARTV PPPPGCS 467

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

- (A) LÄNGE: 284 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 181

VRAGPEAAGQ GADSAPTARV FMKSVKLEWV QDNIRAAQDL CEEALRHED FPKLWMMKGQ	60
IEEQKEMMEK AREAYNQGLK KCPHSTPLWL LLSRLEEKIG QLTRARAILE KSRLKNPKNP	120
GLWLESVRLE YRAGLKNIAN TLMAKALQEC PNSGILWSEA IFLEARPQRR TKSVDALKC	180
EHDPHVLLAV AKLFWSQRKI TKAREWFHRT VKIDSDLGDA WAFFYKFELQ HGTEEQQEEV	240
RKRCESAEPR HGELWCAVSK DIANWQKKIG DILRLVAGR KNTF	284

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 182

QPGIKEYSLM KETQGPYGQG FLGQDSHQHI THVLLGREKQ YIPVERSQSI SGRNVVKGGR	60
CYAAAPSVPE VAVIP	75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 183

TFLLSLSYSS SRYFSQEFQR RLLLKCLLAA QYQSINYFPFW GLALEIIFVG RPNSSQQGSQ 60
ACLLDLFPLR GRNEL 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 184

QGTRHPQSL S HKPAKKIDVA RVTFDLYKLN PQDFIGCLNV KATFYDTYSL SYDLHCCGAK 60
RIMKEAFRWA LFSMQATGHV LLGTSCYLQQ LLDATEEGQP PKGKASSLIP TCLKILQ 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

- (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 185

KSAAQTAMTT PPQTPPHPYF INRQDFPCIL LRISSSHSPA PSPMSWLHHC KTDLLQGSQK 60
LLLALYHFYP HLPPETATIH SHCP SALRPS SRADGSMVIL SWVVLLKPSQ GADSQRASRV 120
SGLDDSK EGT PIFIFKTDIP RGF 143

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

- (A) LÄNGE: 84 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 186

TQTRHFQLAT QSGRAGGNNTD LDIHKKIKPK IKHSILCPLK GLIKGTQSPP RSPLPCQHHK 60
ASSAHTKGLG RGILLPPHQP QEWT 84

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 187

RHWGFTASIF SLKRFITSTS KEQTNWRNVC FFFLFIKFYS TAKFQISFTY RPCKGTVRTE 60
HLFYLRDKGV EIFSLNFIRK GWVQWLMPVI SAFWEAEAGR SLVARSLRPA WATQ 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

- (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 188

NLINKKKKHT FLQLVCSLLV EVINRFKEKI LAVNPQCLQL FWQNIFKEIQ QANFEVLMKV 60
KEGGISSFGR NEKCLTRDIT THVGSGCFLP KTFREEVN 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

- (A) LÄNGE: 437 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 189

KYELYTENAT TEKTEPNSQE DKNDGGKSRK GNIELASSEP QHFTTTVTRC SPTVAFVEFP 60
SSPQLKNDVS EEKDQKKPEN EMSGVELVL SQKVVPKSP EPEATLTFPF LDKMPEANQL 120
HLPNLNSQVD SPSSEKSPVM TPFKFWAWDP EEERRRQEKW QQEQERLLQE RYQKEQDKLK 180
EEWEKAQKEV EEEERRYYEE ERKIEDTVV PFTVSSSSAD QLSTSSSMTE GSGTMNKIDL 240
GNCQDEKQDR RWKKSFQGDD SDLLLKTRES DRLEEKGSLT EGALAHSGNP VSKGVHEDHQ 300
LDTEAGAPHC GTNPQLAQDP SQNQTSNPT HSSEDVKPKT LPLDKSINHQ IESPSSERRKS 360
ISGKKLCSSC GLPLGKGAA M IIETLNLYFH IQCFRCGICK GQLGDAVSGT DVRIRNGLLN 420
CNDCYMRSSRS AGQPTTL 437

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

- (A) LÄNGE: 331 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 190

SANHKLEVNG TDGLAPVEVE ELLRQASERN SKSPTEYHEP VYANPFYRPT TPQRETVTPG 60
PNFQERIKIK TNGLGIGVNE SIHNMGNGLS EERGNNFNHI SPIPPVPHPR SVIQQAEEKL 120
HTPKQKRLMTP WEESNVMQDK DAPSPKPLRS PRETIFGKSE HQNSSPTCQE DEEDVRYNIV 180
HSLPPDINDT EPVTMIFMGY QQAEDSEEDK KFLTGYDGII HAELVVIDDE EEEDEGEAEK 240
PSYHPIAPHS QVYQPAKPTP LPRKRSEASP HENTNHKSPH KNSISLKEQE ESLGSPVHHS 300
PFDAQTTGDG TEDPSLTALR MRMAKLGKKV I 331

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

- (A) LÄNGE: 216 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 191

LSLTSRMEEA ELVKGRLQAI TDKRKIQEEI SQKRLKIEED KLKHQHLKKK ALREKWLLDG 60
ISSGKEQEEM KKQNQQDQHQ IQVLEQSILR LEKEIQDLEK AELQISTKEE AILKKLKSIE 120
RTTEDIIRSV KVEREERAEE SIEDIYANIP DLPKSYIPSR LRKEINEEKE DDEQNRKALY 180
AMEIKVEKDL KTGESTVLSS NTSGHQMTLK GTGVKV 216

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

- (A) LÄNGE: 290 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 192

RGAGTQGPL LKKPYQPRIK ISKTSDGDP HFVVDFPLSR LTVCFNIDGQ PGDILRLVSD 60
HRDSGVTVNG ELIGAPAPPN GHKKQRTYLR TITILINKPE RSYLEITPSR VILDGGDRLV 120
LPCNQSVVVG SWGLEVSVA NANVTVTIQQ SIAFVILIHL YKKPAPFQRH HLGFYIANSE 180
GLSSNCHGLL GQFLNQDARL TEDPAGPSQN LTHPLLQVG EGPEAVLTVK GHQVPVWKQ 240

RKIYNGEEQI DCWFARNNAA KLIDGEYKDY LASHPFDTGM TLGQQGMSREL

290

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 193

GHGSYRTPKR SSTNCLGKFW ELADAKKKRK KVHQKQKRAT IRATELAKGK RHVGGSVSHL 60
SPGTVKCVIT AQVHGKRQQQ KALCRLE 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 194

QFIQGMCSRK FAWYLFVKHL KVPQIGFKVP GAVGWHEDPR KATEHPARLL HRAGEVTFYL 60
FFRLHPIFHL PFLQRAQGAI IF 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

- (A) LÄNGE: 251 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 195

DDRSHAFHHH KSVIDAMKGR PGQSPFLRPS QGTGRVPGTR QMLQDSVQAA LEEVAASEAL 60
LGPLSPPGKS RDGNASAGEG CQVFRSPPSE VPSPPGQDTP TSTFLKRRWD SQVTLLPSKK 120
CKSQQLQESV SQFPPSPGGR REGPWSSLGA GGPSSHISAK YFPLPVQPAC PCTSLEAGHR 180
PGRCVDLQES QGVDHDPANLR LSSGTSCRRG LNPTPVQVRS HEASSQVKMH QTVTWRFYTF 240
LNFQQLGACL L 251

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

- (A) LÄNGE: 149 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 196

FAKGILDRERG NMNLDREGDT IERRTLPTLQ ASDLPFEGTL DGGGRGRLGL SYSHELLAST 60
DSSNSPPHKI TGTNIFNFAY LFLGEFPPSL FCPETTGKAL HFEREEKLFG TPPMIFFFVI 120
LEIYFFILI ADVLFIYLIC IRSNNRKL 149

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

- (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 197

QRCPRGTDL PEA~~T~~LPLWV NHFSPGLSLR LHQLVGLQAS PPDSPHCWAT LNLKFHCPAP 60
PTPTPKFPKE MSKTHAHTYI HTCTCAHTSC VTTGQGNASL RIPPGPGVK GCSGTLPPNL 120
LGGPPSVGAG LGVCLDSQDL PRS 143

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198:

- (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 198

SHTMHCKETK QLYRSGDASV YNTFMSRIRS RHQDLYTVAA AIGTMQNIK YISIYINTQL 60
GWGRMLGDLV SPAEGLGGRE GGGKGFLTFV LNDGSEGRRE MGKHSLHTLM CSHTHAQTKH 120
RHRRVSNSLT LIGKQAWDIP LQ 142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199:

(A) LÄNGE: 189 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 199

QCRGFNLKAY RNAAEIVQYG VKNNNTTFLEC APKSPQASIK WLLQKDKDRR KEVKLNERII 60
ATSGQLLIRS VQGSDQGLYH CIATENSFKQ TIAKINFKVL DSEMVAVVTD KWSPWTWASS 120
VRALPFHPKD IMGAFSHSEM QMINQYCKDT RQQHQQGDES QKMRGDYGYKL KALINSRKSR 180
NRRNQLPES 189

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200:

(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 200

FFREAESPFV ARLECSGAIS AHCVTVSAHC SLRPPVFKRF SCLSLSSWD YRCAPPRPAN 60
FCIFSRDGVS LCWPGWSQSR PRDPAHLGLP KCWDYRX 97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

- (A) LÄNGE: 250 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 201

ETRVKTSSEL LRTQLEPTGT VGNTIMTSQP VPNETIIVLP SNVINFSQAE KPEPTNQGQD 60
SLKKHLHAEI KVIGTIQILC GMMVLSLGII LASASFSPNF TQVTSTLLNS AYPFIGPFFF 120
IISGSLSIAT EKRLTKLLVH SSLVGSIlsa LSALVGFIIL SVKQATLNPA SLQCELDKNN 180
IPTRSYVSYF YHDSLYTTDC YTAKASLAGT LSLMLICTLL EFCLAVLTAV LRWKQAYSDF 240
PGVSFLAGFT 250

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

- (A) LÄNGE: 104 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 202

EKTPGFEWKL TAESHPRPRQQ QRQQQTFGIL FSTHVLIHL IIFLVEKLQI SLFNIYIQFN 60
KPLASYLFSH LRYFFPPHLA PVPPFLFSLC KRKYLTYLGP TSIM 104

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:

- (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 203

HKKNFWQIFI QIACLQWQIS QHFSLFCLCL SLCIFLERKL NAFNVLIITL LKLDPNMLNI 60
SSCKGRRGRE EQGQGEEKN TSGERTSNLQ EAY 93

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 204

RPKPGHPLYS KYMRGDVLVM LKQTENNYLE CQKGEDTGRV HLSQMKIITP LDEHLRSRPN 60
DPSHAQKPVD SGAPHAVVLH DFPAEQVDDL NLTSGEIGLS SGEDRYRLVQ REL 113

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

- (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 205

TSLLEKLVYL LEKIDTDWYR GNCRNQIGIF PANYVKVIID IPEGGNGKRE CVSSHCVKGS 60
RCVARFEYIG EQKDELSFSE GEIIILKEYV NEEWARGEVR GRTGIFPLNF VEPVEDYPTS 120
GANVLSTKVP LKTKKEDSGS NSQVNNSLPAE WCEALHSFTA ETSDDLFSKRD GDRIQILERL 180
DSDWCRGRQLQ DREGIFPAVF VRPCPAEAKS MLAIVPKGQE GQSLI 225

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 206

CIGFSSGFDF VKRIVTRVTQ TCQLSESLVV KPELGKLSLR RLKERAQVGI CVITVLLPRH 60
GVDNKIPLQS TGVSVRLVHQ KAAHWEWGGA CGKPDCGEKL GENGS 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

- (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 207

LCGAAASCMM LGSLAPDPGS RRHSGQAALR PRRYPTLWDR CRKRWLPIF TQLLAAVWLT 60
TRSSPFVSR FLQHQANTYT SAL 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208:

(A) LÄNGE: 581 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 208

YFCMMTEAEQ DKWQAVLQDC IRHCNNGIPE DSKVEGPAFT DAIRMYRQSK ELYGTWEMLC 60
GNEVQILSNL VMEELGPELK AELGPRLKGK PQERQRQWIQ ISDAVYHMVY EQAKARFEEV 120
LSKVQQVQPA MQAVIRTDMD QIITSKEHLA SKIRAFILPK AEVCVRNHVQ PYIPSILEAL 180
MVPTSQGFT E RDVFFFKEVT DMNLNVINEG GIDKLGEYME KLSRLAYHPL KMQSCYEKME 240
SLRLDGLQQR FDVSSTSVFK QRAQIHMREQ MDNAVYTFET LLHQELGKGP TKEELCKSIQ 300
RVLERVLKKY DYDSSSVRKR FFREALLQIS IPFLLKKLAP TCKSELPRFQ ELIFEDFARF 360
ILVENTYEEV VLQTVMKDIL QAVKEAAVQR KHNLRYRDSMV MHNSDPNLHL LAEGAPIDWG 420
EEYSNSGGGG SPAPAPRSQP PSRKSDGAPS RWSLWSRMRR WGCPLRLALS HHHLRPRTVS 480
LRSEACWPKV CGLRAPPHQPA PCSTGPPLGR VPSLRPPPPR PRRLPHPSSI SCLERLWTLG 540
PPSPATRRLE SRCPPAPAATP PSTPPPRTVQ GCRLSSRPVG P 581

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209:

- (A) LÄNGE: 466 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 209

PQRAAPPPHP GPQRPPAWRA VAFPRGWLTP GCWGWAAPPA AVAVLLAPVD GGALGQQVQV 60
GVAVVHDHAV PVEVVLPLHR GLLHSLQDVL HDGLQHHLLV RVFHQDEPGK VLEDQLLEPG 120
QLRIAGRGQL LEQERDADLQ QRLPEEPLPH RAAVVVVFLQ HPLQDPLDGL AQLLLGGPLP 180
QLLVQEGLER IHGIVHLLPH VDLGSLLEHG RAGHIKSLLQ PVQSQRLHLL IAALHLQGVV 240
RQPGQLLHVL AQLVNAALVD DVQVHVRDLL EEDISHLSEA LAGGDHQGLQ DGWDVGLDMV 300
PHAHLCGED EGSDLAGKVL LGGDNLNVHS SDDGLHGRHL LLHLGQHLL EARLGLLVHHV 360
VHGVRDLDPL PLPLLRFPLQ PRAELCLQLR AQLLHHQVAQ DLHLVPTQHL PGAVQILLGS 420
VHADGICERR ALYLGVLRDS IVAVPDAVLQ HSLPLVLLGF CHHAEV 466

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
 - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID Nos. 1-5, 10-12, 14, 15, 19, 21-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50, 51, 58-65, 68, 69, 71, 72, 74, 76 und 161-178.
 - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

 - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID Nos. 1-5, 10-12, 14, 15, 19, 21-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50, 51, 58-65, 68, 69, 71, 72, 74, 76 und 161-178, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Brustnormalgewebe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomal Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178, zur Verwendung als

Vehikel zum Gentransfer.

5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp aufweist.
10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.

15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
22. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos 77-85, 87, 88, 90, 91, 93, 95-108, 112-117, 119, 122, 124-126, 132, 133, 135, 137-160 und 179-209.
23. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
25. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 und Seq. ID No. 179 bis Seq. ID No. 209, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs.

26. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden können.
27. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178 in sense oder antisense Form.
28. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 und Seq. ID No. 179 bis Seq. ID No. 209 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Brustkrebses.
29. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 und Seq. ID No. 179 bis Seq. ID No. 209, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Brustkrebses.
30. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 und Seq. ID No. 179 bis Seq. ID No. 209.
31. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
32. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
33. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178.
34. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
35. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
36. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

37. Die Nukleinsäuresequenzen Seq. ID No.: 3, 37, 45 dadurch gekennzeichnet, daß sie mit dem Fettstoffwechsel assoziiert sind und zur Behandlung von krankhaften Veränderungen des Fettstoffwechsels verwendet werden können.

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

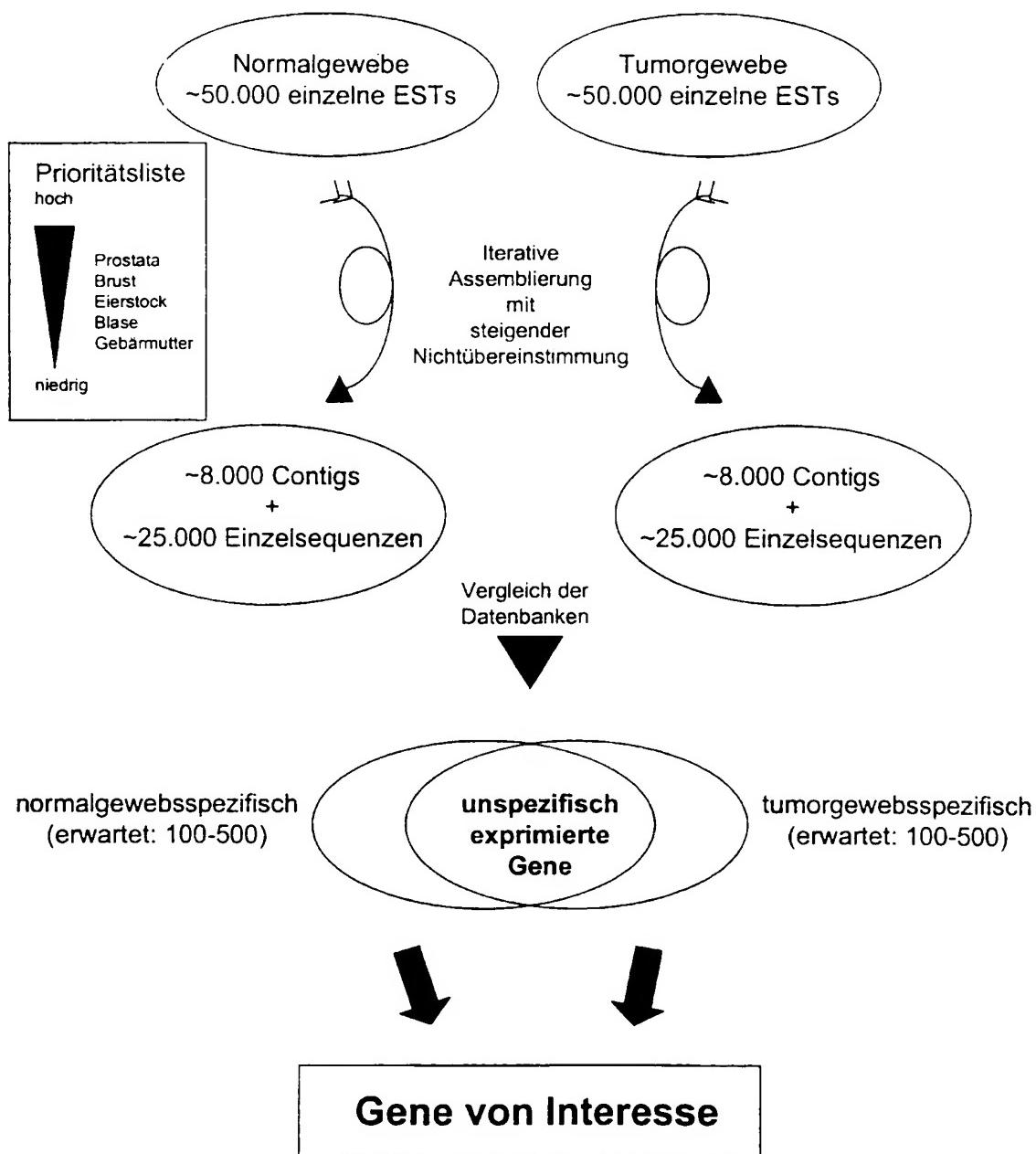


Fig. 1

Prinzip der EST-Assemblierung

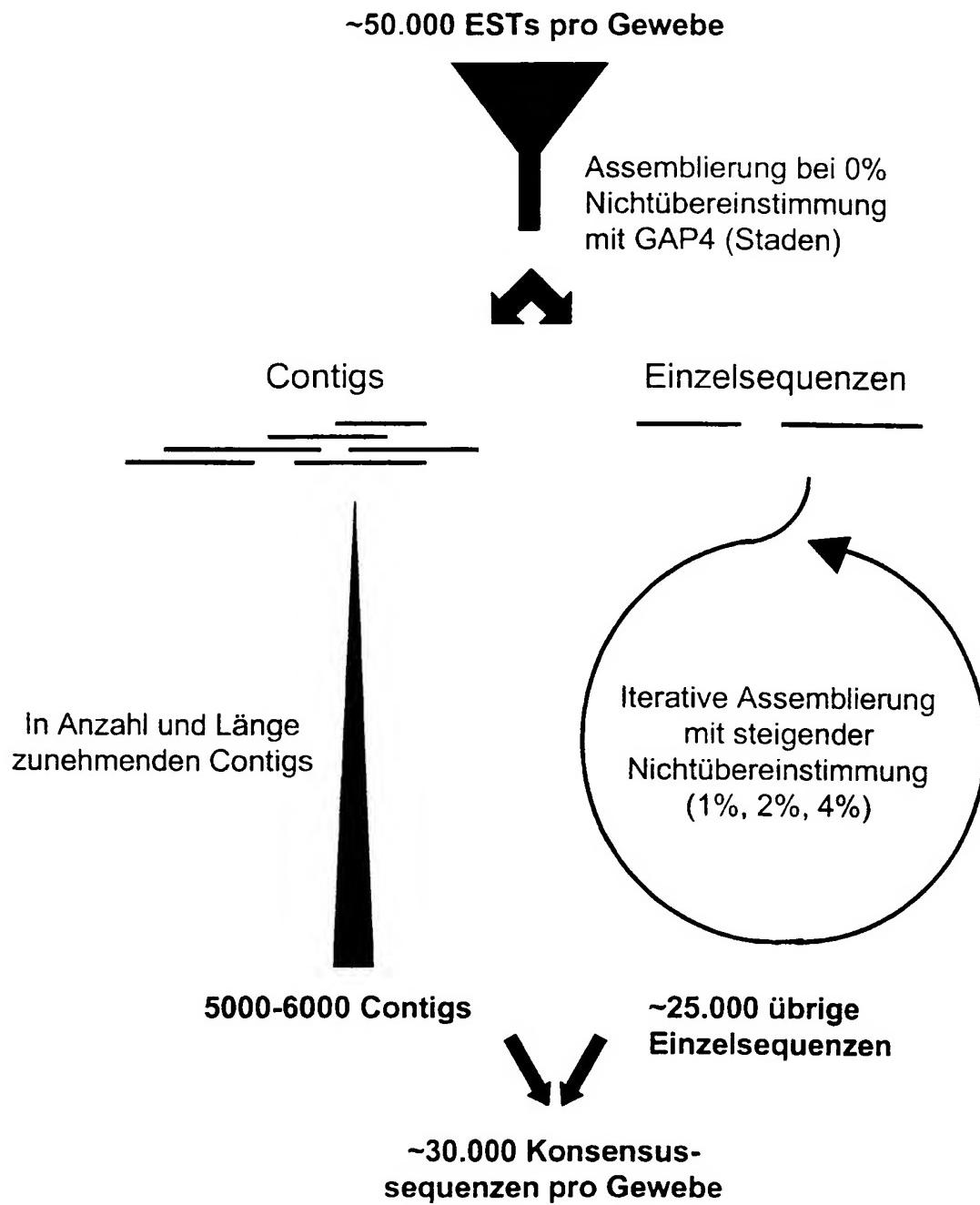


Fig. 2a

3/10

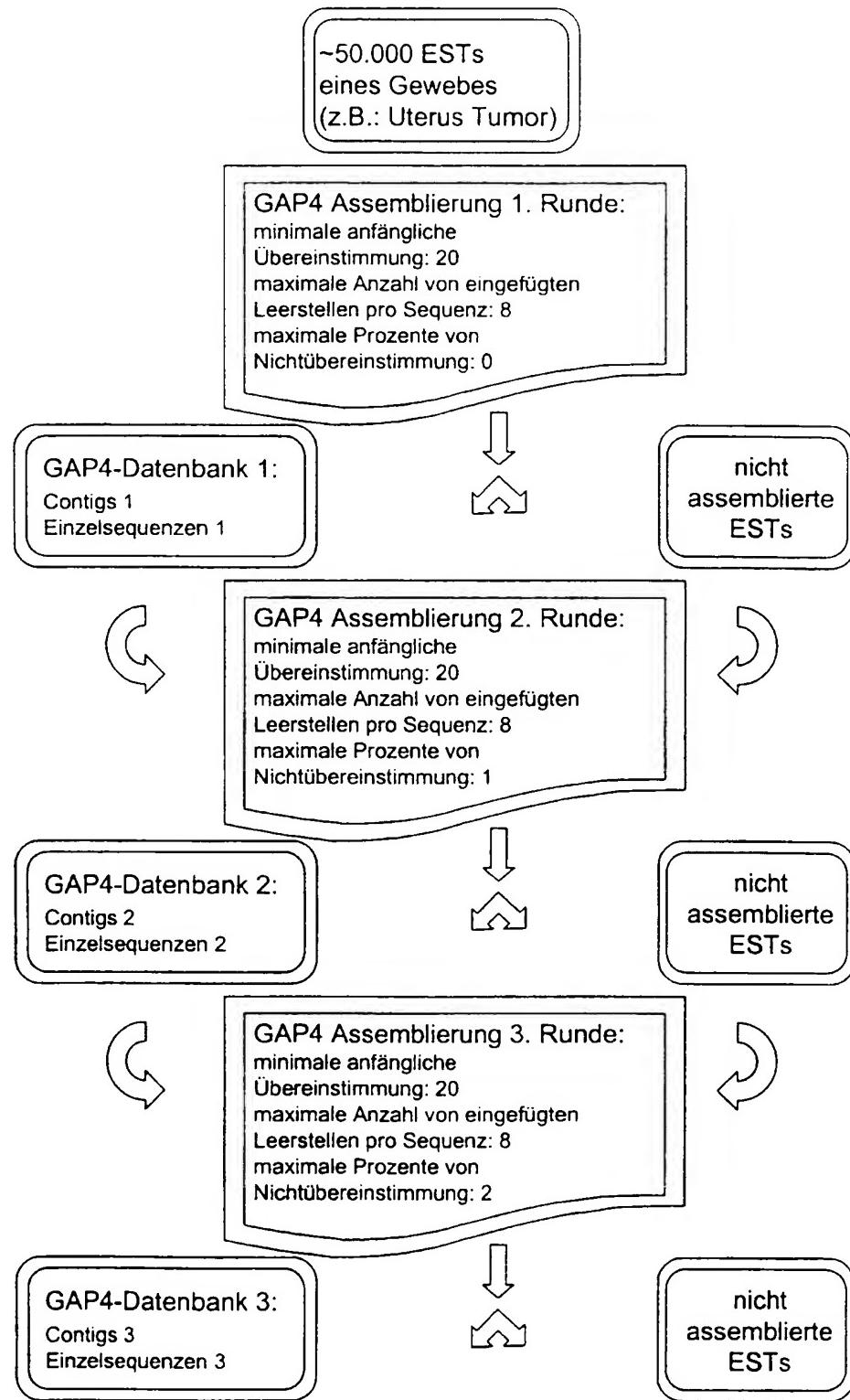


Fig. 2b1

4/10

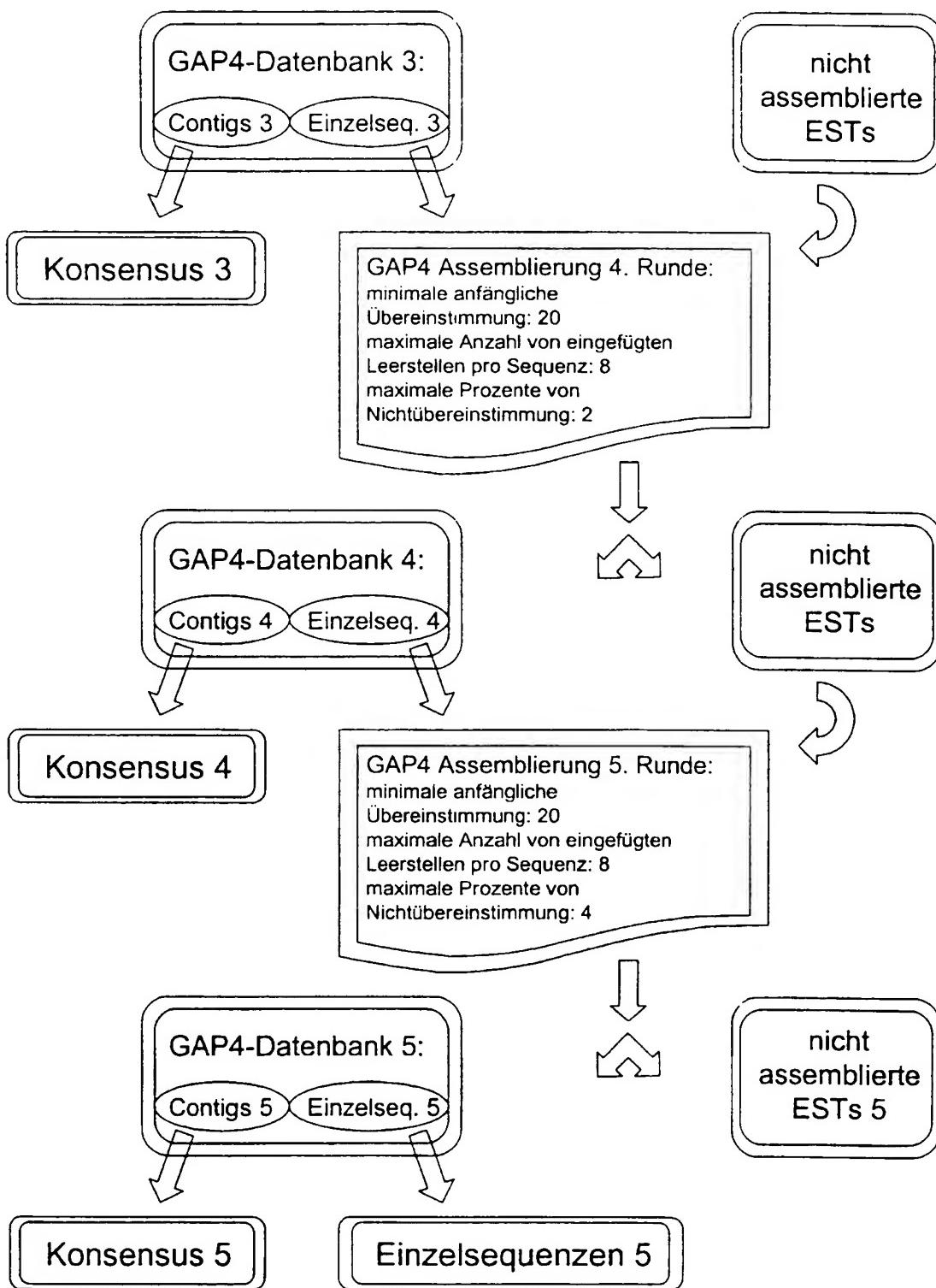


Fig. 2b2

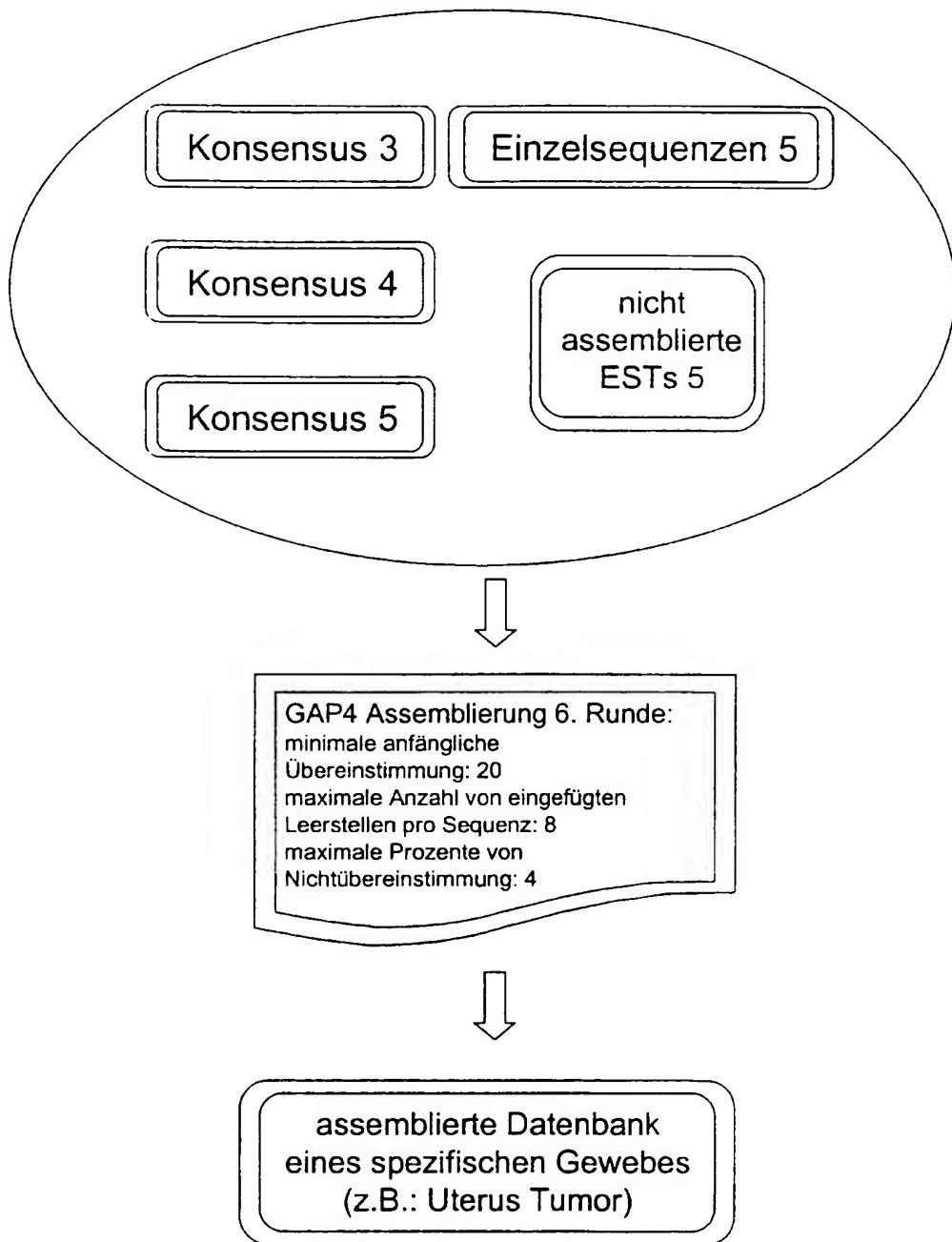


Fig. 2b3

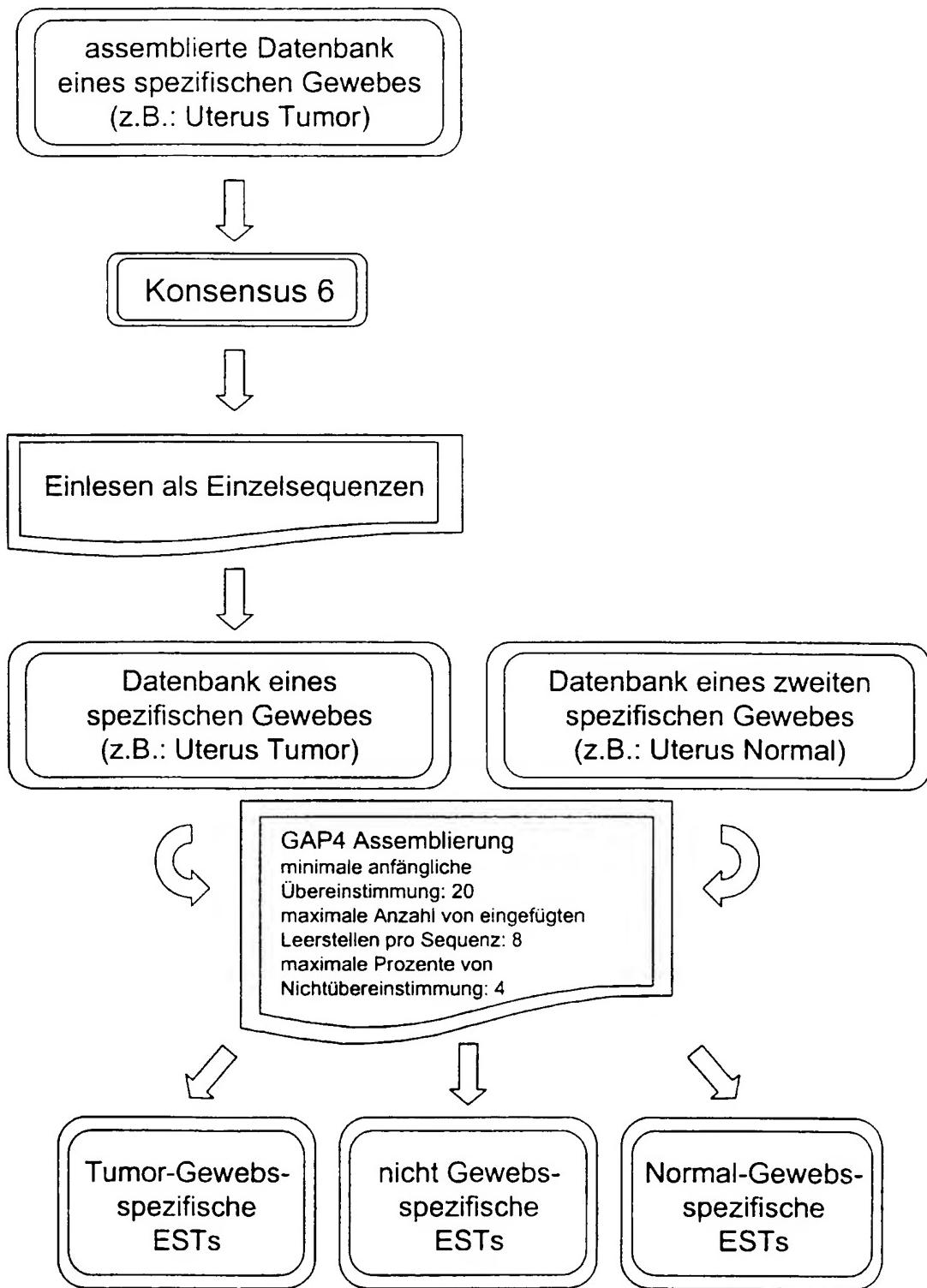


Fig. 2b4

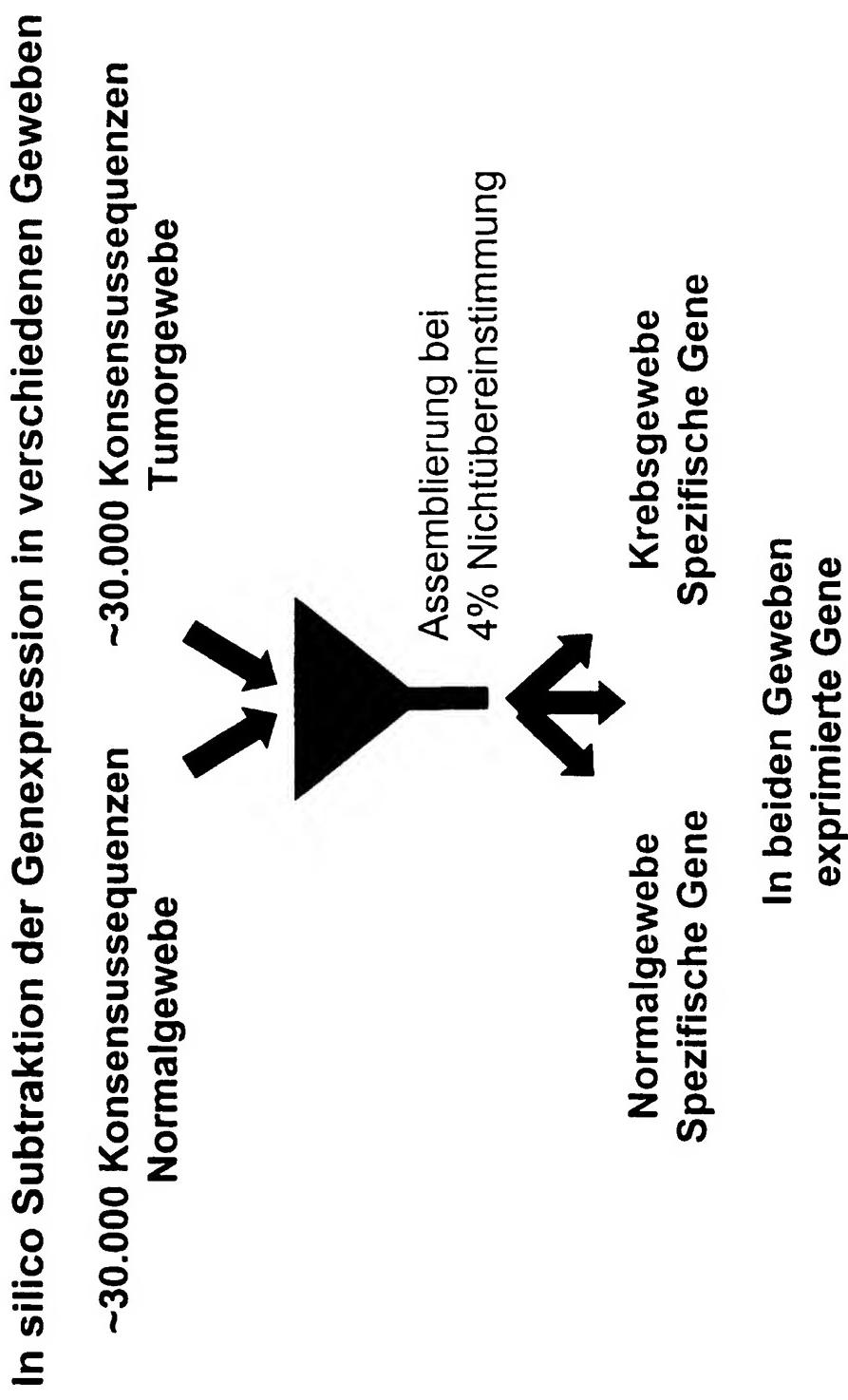


Fig. 3



Gene von Interesse

Bestimmung der
gewebsspezifischen
Expression über
elektronischen Northern
(INCYTE LifeSeq und
öffentliche EST
Datenbanken)

Kandidatengene für
Tumorsuppressoren oder
Tumoraktivatoren

Fig. 4a

9/10

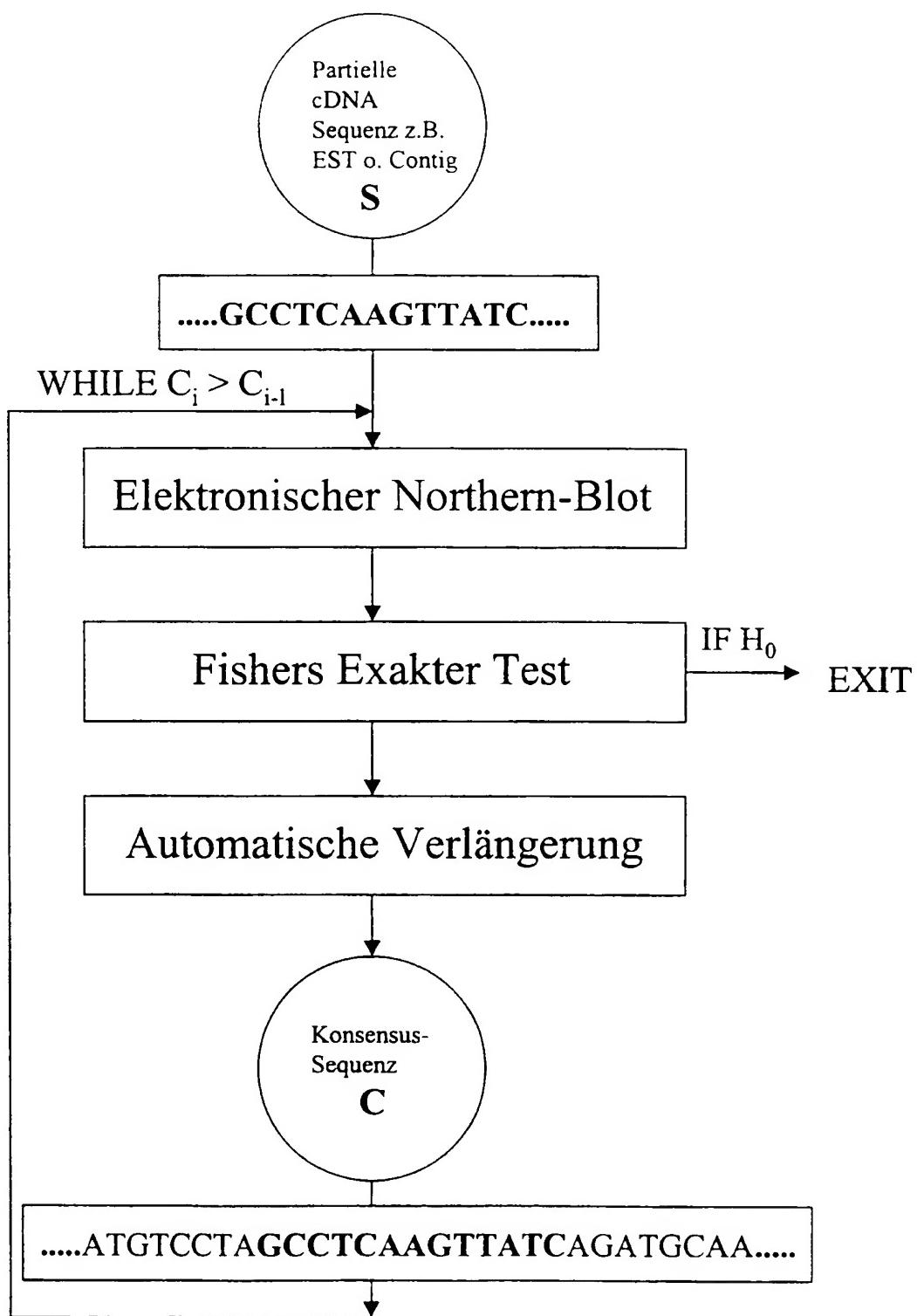


Fig. 4b

10/10

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5